

Technische Universität Ilmenau  
Fakultät Informatik und Automatisierung

# **Registrierung von Tumoren in PET-Bildern anhand merkmalslistenbasierter Kreuzkorrelationsverfahren**

Diplomarbeit  
am Institut für biomedizinische Technik und Informatik  
im Fachgebiet Biosignalverarbeitung

Eingereicht von:	Kathrin Sander
Geboren am:	12.04.1979 in Leinefelde
Studiengang:	Medientechnologie
Studienrichtung:	Digitale Medien (Fakultät EI)
Matrikelnummer:	30661
Verantwortliche Hochschullehrerin:	Prof. Dr. Phil. H. Krömker (IMT)
Betreuender Wissenschaftlicher Mitarbeiter:	Dipl.-Inf. R. Maschotta (BMTI)
Ausgegeben am:	01.03.2006
Abzugeben am:	31.08.2006

Ilmenau, den 31.08.2006

# Erklärung

Ich erkläre, dass ich diese Arbeit eigenständig bearbeitet und abgefasst habe. Verwendete Quellen, Literatur und sonstige Hilfsmittel sind als solche gekennzeichnet.

Ilmenau, 31.08.2006

---

Kathrin Sander

## Danksagung

Mein herzlicher Dank gilt allen, die zum Entstehen dieser Arbeit beigetragen haben.

Für die gute Zusammenarbeit und Förderung meiner Arbeit möchte ich an erster Stelle meinem Betreuer Ralph Maschotta danken. Ohne meine betreuende Professorin, Frau Prof. Dr. Heidi Krömker, wäre die Bearbeitung meines Wunschthemas erst gar nicht möglich gewesen.

Mein besonderer Dank gilt Frau Christiane Wehrmann, einer Mitarbeiterin des PET-Zentrums der Zentralklinik in Bad Berka, die das gesamte in dieser Arbeit verwendete Bild- und Referenzmaterial bereitgestellt hat.

Des Weiteren möchte ich mich bei Ulf Schnuffi Schwalbe und Ralf Hermann Hesse für die interessanten Diskussionen, die kritischen Anregungen und die Nerven, die sie im Laufe der letzten Monate bewiesen haben, bedanken.

Meinen Eltern möchte ich für die Unterstützung während meines gesamten Studiums danken. Sie haben mir dadurch die Möglichkeit gegeben, einen Lebensweg entsprechend meinen Wünschen und Vorstellungen einzuschlagen.

# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einführung und Motivation</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Grundlagen</b>	<b>5</b>
2.1	Gewinnung, Speicherung und Nutzung nuklearmedizinischer Bilddaten	5
2.1.1	Nuklearmedizinische Bildgebung . . . . .	5
2.1.1.1	Planare Szintigraphie . . . . .	6
2.1.1.2	Positronen-Emissions-Tomographie . . . . .	7
2.1.2	Standards zur Speicherung und zum Austausch medizinischer Bilddaten . . . . .	10
2.1.3	Therapieplanung in der Onkologie . . . . .	11
2.2	Relevante Bildverarbeitungsoperationen, Algorithmen und Kenngrößen	13
2.2.1	Rauschunterdrückung in nuklearmedizinischen Bildern . . . . .	13
2.2.2	Extraktion und Speicherung von bildbeschreibenden Merkmalen	15
2.2.3	Matching zum Bildvergleich . . . . .	20
2.2.4	Kreuzkorrelationsverfahren . . . . .	24
2.2.5	Bewertungskriterien für die Qualität von Kreuzkorrelationsalgorithmen beim Bildvergleich . . . . .	30
<b>3</b>	<b>Untersuchung von Kreuzkorrelationsalgorithmen beim Matchen nuklearmedizinischer Bilddaten</b>	<b>32</b>
3.1	Bisheriger Kenntnisstand . . . . .	32
3.2	Testumgebung . . . . .	38
3.3	Betrachtete Algorithmen und Kenngrößen . . . . .	40
3.4	Verwendetes Bildmaterial . . . . .	41
3.5	Erwartete Ergebnisse . . . . .	41
3.6	Methodisches Vorgehen - Zwei Testreihen . . . . .	42
3.6.1	Suche korrespondierender Querschnittsbilder in PET-Bildserien	43
3.6.1.1	Das Verfahren und mögliche Anwendungsfelder . . . . .	43
3.6.1.2	Ausgangsmaterial . . . . .	45
3.6.1.3	Durchführung . . . . .	46
3.6.1.4	Ergebnisse . . . . .	56
3.6.2	Szintigraphiebildbasierte Dosimetrieunterstützung . . . . .	69



3.6.2.1	Das Verfahren und mögliche Anwendungsfelder . . . .	69
3.6.2.2	Ausgangsmaterial . . . . .	75
3.6.2.3	Durchführung . . . . .	75
3.6.2.4	Ergebnisse . . . . .	88
<b>4</b>	<b>Zusammenfassung und Ausblick</b>	<b>94</b>
	<b>Abbildungsverzeichnis</b>	<b>102</b>
	<b>Tabellenverzeichnis</b>	<b>105</b>
	<b>Abkürzungsverzeichnis</b>	<b>106</b>
	<b>Notation</b>	<b>108</b>
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>109</b>
<b>A</b>	<b>Anhang</b>	<b>112</b>
A.1	DICOM-Format . . . . .	112
A.2	Interfile-Format . . . . .	119
A.3	ASCII-Tabelle . . . . .	122
A.4	Einteilung von Bildverarbeitungsoperationen . . . . .	123
A.5	Glättungs-Operatoren . . . . .	125
A.6	Kanten-Operatoren . . . . .	127
A.7	Korrelationsergebnisse: Korrespondierende Querschnittsbilder . . . . .	133
A.8	Korrelationsergebnisse: Dosimetrie (mittlere Grauwerte in den Regions of Interest) . . . . .	145
A.9	Implementierte Filter . . . . .	167
	<b>Thesen</b>	<b>170</b>

# 1 Einführung und Motivation

Der Einsatz und die Bedeutung von Bildverarbeitung in der Medizin haben seit dem Anfang der 70er Jahre rasant zugenommen. Moderne Visualisierungsverfahren sowie die schnelle und automatisierte Auswertung medizinischer Bilddaten unterstützen Ärzte und Laboranten heute bei der Lösung verschiedenster Problemstellungen. Beispielsweise seien die Verlaufskontrolle von Schwangerschaften, die computergestützte Planung und Durchführung von Operationen oder die Überwachung des Heilungsprozesses komplizierter Knochenbrüche angeführt.

Gegenstand dieser Arbeit ist die bildbasierte Unterstützung der Diagnose und Therapieplanung von Tumorerkrankungen in der Onkologie. Dabei stehen die Lokalisierung und die Vermessung von Tumoren im Vordergrund. Für die Lösung dieser Aufgabe können beispielsweise verschiedene Templatematching-Verfahren, die zur Suche eines Musters bzw. Bildausschnitts in einem oder mehreren Bildern eingesetzt werden, zur Anwendung kommen. Bei dem in der Onkologie auszuwertenden Bildmaterial handelt es sich häufig um nuklearmedizinische Bilder, wie beispielsweise die Szintigraphie oder die Positronen-Emissions-Tomographie sie liefern.

Im Vorfeld dieser Arbeit wurden bereits verschiedene kreuzkorrelationsbasierte Templatematching-Verfahren anhand synthetischer Grauwert- und medizinischer Fundusbilder unter Laborbedingungen untersucht und verglichen. Insbesondere sollte dabei die Leistungsfähigkeit kantenlistenbasierter Verfahren im Vergleich zu pixelbasierten Ansätzen untersucht werden.

Im Mittelpunkt dieser Arbeit steht die Untersuchung einer Auswahl solcher Algorithmen vor dem bereits benannten Hintergrund der Diagnose- und Therapieunterstützung in der Onkologie. Im Ergebnis soll die Einsetzbarkeit der getesteten Verfahren zum automatischen Vergleich nuklearmedizinischer Bilder diskutiert und der beste dieser Algorithmen bei der Lösung einer praxisrelevanten Problemstellung erprobt werden. Die Untersuchungen finden in Zusammenarbeit mit dem PET-Zentrum der Zentralklinik Bad Berka statt.

Folgende Punkte werden im Anschluss näher behandelt (vgl. Inhaltsverzeichnis):

- Erläuterungen zur Gewinnung, Speicherung und Nutzung nuklearmedizinischer Bilddaten (vgl. Kap. 2.1),
- Überblick über grundlegende Bildverarbeitungsoperationen, Algorithmen und Kenngrößen, die im Rahmen dieser Arbeit relevant sind (Kap. 2.2),
- Darstellung des bisherigen Kenntnisstands zum Vergleich verschiedener Kreuzkorrelationsverfahren beim Templatematching und Ableitung möglicher Testergebnisse (vgl. Kap. 3.1 & 3.5),
- Vorstellen der Testumgebung, des verwendeten Bildmaterials, der verwendeten Algorithmen und Kenngrößen (vgl. Kap. 3.2, 3.3 & 3.4),
- Erläuterung der praktischen Umsetzung zweier Testreihen:
  - Test 1 - Voruntersuchung: Untersuchung ausgewählter pixel- und kantenlistenbasierter Kreuzkorrelationsalgorithmen zum Vergleich nuklearmedizinischer PET-Bilddaten (vgl. Kap. 3.6.1),
  - Test 2 - Hauptuntersuchung: Einsatz des für dieses Bildmaterial am besten geeigneten Algorithmus bei der szintigraphiebildbasierten Dosimetrieunterstützung (vgl. Kp. 3.6.2),
- Auswertung und Zusammenfassung der gewonnenen Ergebnisse,
- Ableiten offener Fragen und Problemstellungen (vgl. Kap. 4).

## 2 Grundlagen

### 2.1 Gewinnung, Speicherung und Nutzung nuklearmedizinischer Bilddaten

Lange Zeit existierten in der inneren Medizin lediglich radiologische Röntgenverfahren zur Visualisierung von menschlichen Knochen und Skelettteilen. Um jedoch auch Veränderungen bzw. Erkrankungen an inneren Organen und Weichteilen erkennen sowie funktionelle Abläufe sichtbar machen zu können, wurde der Einsatz von anderen, weitaus anspruchsvolleren bildgebenden Verfahren notwendig.

#### 2.1.1 Nuklearmedizinische Bildgebung

Eine Vielzahl solcher Verfahren wird heute unter dem Begriff der nuklearmedizinischen Bildgebung zusammengefasst. All diese Verfahren basieren auf dem Einsatz radioaktiv markierter Moleküle (Tracer), die an verschiedenen chemischen Prozessen im Körper beteiligt sind. Entsprechend ihrer biochemischen Eigenschaften gelangen sie gezielt in bestimmte Organe oder werden über das Blut oder die Atemluft durch den Körper „gespült“.

Bei den angelagerten radioaktiven Stoffen (Radionuklide) handelt es sich um instabile Atome. Da ihre Neutronenzahl im Kern viel kleiner als ihre Protonenzahl ist, neigen sie zum spontanen radioaktiven Zerfall. Die dabei freigesetzte Gammastrahlung wird mit Hilfe eines Detektorsystems erfasst. Die auf diesem Wege ermittelte Strahlungsintensität gestattet Aussagen über die Tracerkonzentration und damit über die Aktivität bzw. den Gesundheitszustand der einzelnen Körperregionen [GOSCH et al. 2000].

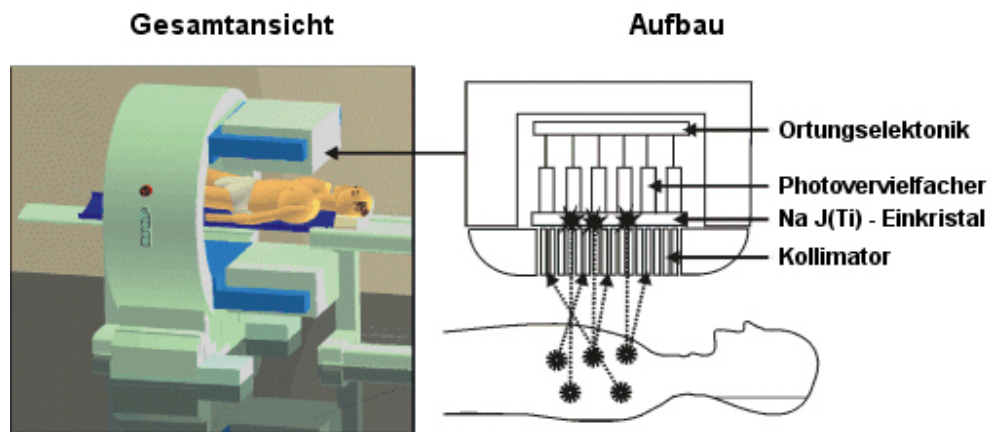
Im Vordergrund dieser Arbeit steht die Untersuchung von nuklearmedizinischen Bildern, in denen Tumorgewebe abgebildet ist. Da Krebszellen im Vergleich zu gesunden Körperzellen eine stark erhöhte Stoffwechselaktivität aufweisen, ähneln die im Bildaufnahmeprozess eingesetzten Tracer stark dem Stoffwechselprozess zugrunde liegenden Glukosemolekülen und werden ebenso wie diese über die Zellmembran aufgenommen. Im Unterschied zu echten Glukosemolekülen werden sie während des Stoffwechselpro-

zesses jedoch nicht zerlegt, sondern in den Zellen angereichert. Je höher die Stoffwechselaktivität einer Zelle, desto höher ist ihre Konzentration an Radionukliden und die abgegebene Gammastrahlung. Demzufolge erscheinen stoffwechselaktive Körperregionen, wie Tumore oder Organe, in den Bildern deutlich heller als andere Körperareale (vgl. Abb. 2.2 & 2.4) [RUHLMANN et al. 1998, HEINRICHS 2000].

#### 2.1.1.1 Planare Szintigraphie

Die Szintigraphie kann als das grundlegende Verfahren der nuklearmedizinischen Bildgebung verstanden werden. Entsprechend der Wahl des Tracers wird sie sehr vielseitig, beispielsweise bei der Diagnose von Tumoren in Organen und Knochen oder zum Überwachen der Schilddrüsen- oder Nierenfunktion, eingesetzt [GOSCH et al. 2000].

Die folgende Abbildung veranschaulicht den Prozess der Umwandlung der am Detektor auftreffenden Gammaquanten in ein elektrisches Bildsignal.

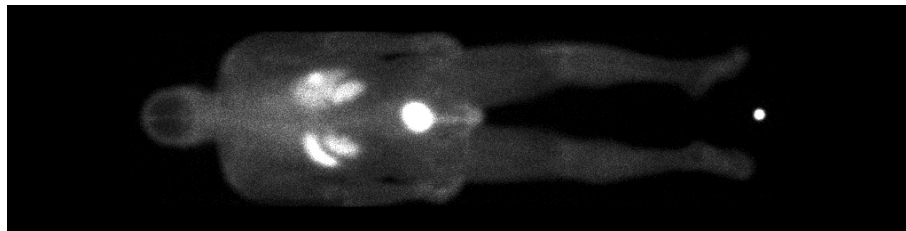


**Abb. 2.1:** Aufnahmeprinzip der Szintigraphie

Der Strahlungsdetektor besteht aus einem NaJ-Kristall (Natrium-Jodid), der mit zahlreichen Photovervielfachern bestückt ist. In Richtung des Patienten ist ein Kollimator vorgeschaltet, der sicherstellt, dass nur annähernd senkrecht auftreffende Quanten den Kristall erreichen. Damit ist gewährleistet, dass die Herkunftsorte der Quanten auf wenige Millimeter genau lokalisiert werden können.

Treffen Gammaquanten auf dem Kristall auf, übertragen sie ihre Energie auf die NaJ-Moleküle und heben das Energieniveau der kernnahen Elektronen ( $e^-$ ) an. Da dieser Zustand instabil ist, kehren die Elektronen schnell auf ihre ursprünglichen Orbitalkreise zurück und setzen dabei Energie in Form von Photonen frei. Durch das Auftreffen dieser Photonen auf die Kathoden der nachgeschalteten Photovervielfacher werden einzelne Photoelektronen freigesetzt. Diese werden anschließend in den Photovervielfachern zu Elektronenflüssen verstärkt und können über ein Widerstandsnetzwerk als elektronisches zweidimensionales Bild ausgewertet werden [GOSCH et al. 2000].

Da die von allen Punkten im Körper ausgehende Strahlung erfasst und folglich kein Körperquerschnitt, sondern die Überlagerung von Organen dargestellt wird, bezeichnet man dieses Verfahren als planare Szintigraphie.



**Abb. 2.2:** Szintigraphiebild, 00020007.i

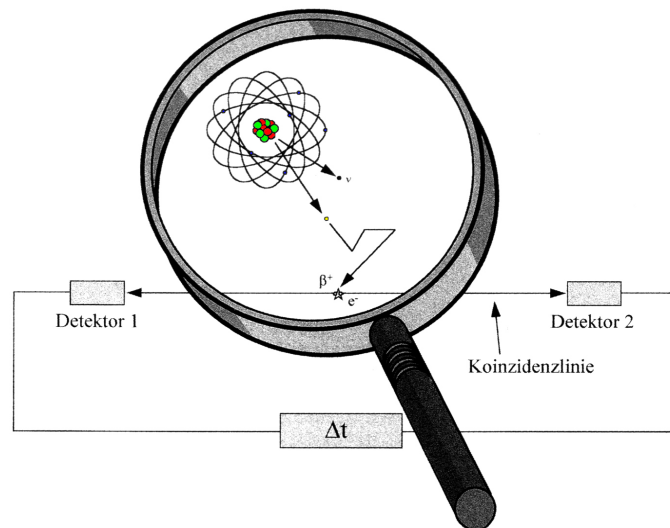
Das Prinzip der Umwandlung von Gammastrahlung in Photonen mit Hilfe eines Szintillationskristalls kam erstmals 1958 in einer von Anger entwickelten Gammakamera zum Einsatz. Heutzutage dauert die Durchführung einer Szintigraphie 10 bis 20 Minuten. Im Ergebnis erhält man Bilddaten mit einer Ortsauflösung von 3 bis 5 mm [GOSCH et al. 2000].

#### 2.1.1.2 Positronen-Emissions-Tomographie

Die fortschreitende Computertechnologie und Elektronik führte in den frühen 70er Jahren zur Entwicklung der Positronen-Emissions-Tomographie (PET), welche die Erfassung und Auswertung dreidimensionaler Bilddaten ermöglichte. Da die PET hervorragend zur Visualisierung, Lokalisierung und Vermessung von Tumoren geeignet ist, wird sie seit 1990 insbesondere bei Routineuntersuchungen von Krebspatienten

eingesetzt [RUHLMANN et al. 1998, HEINRICHS 2000].

Anders als bei der planaren Szintigraphie kommen bei der PET Radionuklide zum Einsatz, bei deren Zerfall nicht direkt Gammaquanten, sondern zunächst Positronen ( $\beta^+$ ) und Neutrinos ( $\nu$ ) freigesetzt werden. Während die Neutrinos nicht in Wechselwirkung mit ihrer Umgebung treten, werden die Positronen nach kurzer Distanz (ca. 2-3 mm) abgebremst und schließen sich mit Elektronen zusammen. Beim Zusammentreffen eines Positrons mit einem Elektron werden beide Massen im so genannten Annihilationsprozess „vernichtet“ und in zwei Gammaquanten umgewandelt. Diese entfernen sich im Winkel von  $180^\circ$  voneinander weg [RUHLMANN et al. 1998, HEINRICHS 2000].



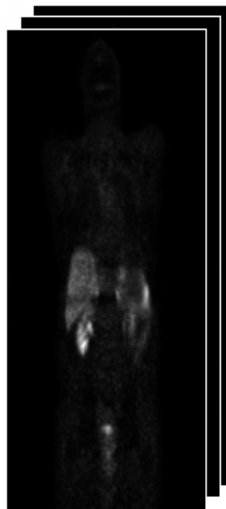
**Abb. 2.3:** Aufnahmeprinzip der PET [RUHLMANN et al. 1998]

Die abzubildenden Körperregionen des Patienten sind während der gesamten PET von ein oder mehreren Gammadetektorringen umgeben. Durch die gegenläufige Bewegung der im Annihilationsprozess freigesetzten Gammaquanten treffen diese an zwei unterschiedlichen Stellen auf den Detektorringen auf. Dort werden sie wiederum mit Hilfe eines Szintillationskristalls und eines nachgeschalteten Photomultiplizierers in ein elektrisches Signal umgewandelt (vgl. Kap. 2.1.1.1). Der Ort der Annihilation, also der Ursprung der Strahlung, liegt irgendwo auf der Verbindungslinie der beiden Detektionsstellen.

Während bei der planaren Szintigraphie Kollimatoren für die Lokalisierung der Strahlungsquelle erforderlich sind, lässt sich der exakte Ort der Annihilation aus der Zeitdifferenz des Auftreffens der beiden um  $180^\circ$  versetzten Strahlungsquanten ermitteln.

Um sicherzustellen, dass der Positionsbestimmung tatsächlich zwei zusammengehörende Quanten zugrunde liegen, gibt ein Zeitfenster an, wie groß der Zeitunterschied zwischen der Ankunft der beiden Quanten höchstens sein darf. In der Regel beträgt dieses Fenster nicht mehr als 10 ns [RUHLMANN et al. 1998, HEINRICHS 2000].

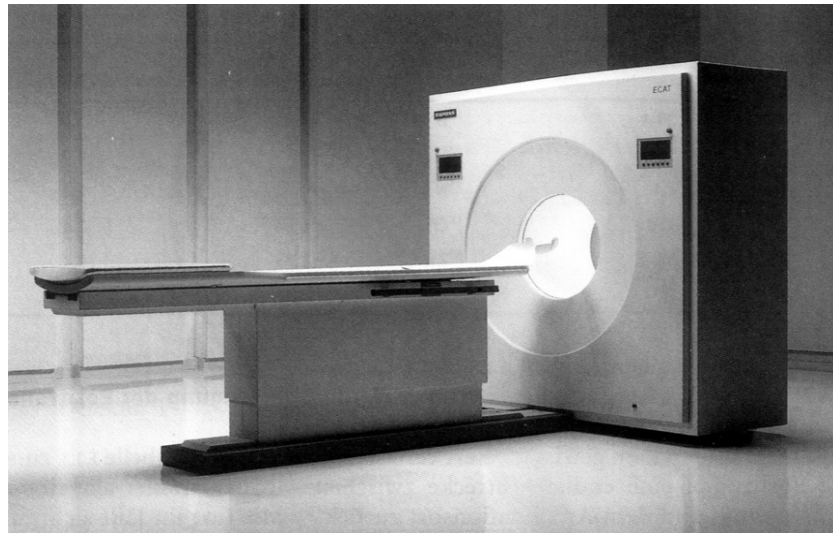
Aus einer Vielzahl solcher Ereignisse können schließlich Schnittbilder und dreidimensionale Modelle berechnet werden.



**Abb. 2.4:** Beispiel eines vertikalen PET-Schnittbildes

Die Erfassung eines kompletten PET-Datensatzes dauert heutzutage 1 bis 2 Stunden und kostet ca. 1000 Euro. Um das Verfahren schneller und genauer zu machen, investieren zahlreiche Forschungseinrichtungen viel Zeit und Geld. Dabei sind insbesondere die Erhöhung des Signal-Rausch-Abstands und der Ortsauflösung (zur Zeit 4 bis 5 mm) sowie die nachträgliche Korrektur von unvermeidbaren Patientenbewegungen während des Aufnahmeprozesses von akutem Interesse.





**Abb. 2.5:** ECAT-Scanner der Fa. Siemens, Erlangen [RUHLMANN et al. 1998]

Sowohl die Szintigraphie- als auch die PET-Bilder basieren auf dem Zerfall radioaktiver Elemente und der Umwandlung der dabei freigesetzten Gammastrahlung in ein elektrisches Bildsignal mit Hilfe eines Szintillationskristalls. Demzufolge sind die Qualität sowie die Beschaffenheit ihrer Bildinhalte bei den folgenden Untersuchungen als gleichwertig einzustufen.

### **2.1.2 Standards zur Speicherung und zum Austausch medizinischer Bilddaten**

Mit der Weiterentwicklung der bildgebenden Verfahren in der Medizin wuchsen auch die Ansprüche an die Speicherung der gewonnenen Daten. Anstelle der einfachen Speicherung von Bilddaten war die zusätzliche Speicherung von Patienten- und Untersuchungsdaten gewünscht, ebenso wie die Verwaltung ganzer Bildserien. Mit der zunehmenden Bedeutung des Datenaustauschs über Rechnernetze sollten die Standards zudem die Anforderungen eines Übertragungsprotokolls erfüllen.

Im Laufe der Zeit etablierten sich eine Reihe von medizinischen Bilddaten-Formaten, die diese Ansprüche im einzelnen mehr oder weniger erfüllten. Die wichtigsten unter ihnen sind in der folgenden Übersicht zusammengefasst [SEIDEL 2003].

Format	Erläuterung
ACR/NEMA 1.0 & 2.0	Vorläufer der folgenden Formate
DICOM 3	Format zur Speicherung und zum Austausch medizinischer Bilddaten
Interfile V3.3 (4.0 in Arbeit)	Format zur Speicherung nuklearmedizinischer Bilddaten
Papyrus	Format zur Verwaltung mehrerer medizinischer Bilder in einer Datei
DEFF	Format für Austausch, Druck und Archivierung von Ultraschallbildern
Qsh	internes Format eines Programmpaketes zur Bearbeitung medizinischer Bilder

**Tabelle 1:** Medizinische Bildformate (Auszug) [SEIDEL 2003]

Das dieser Arbeit zugrunde liegende PET-Bildmaterial (vgl. Testreihe 1, Kap. 3.6.1) liegt im Dicom-Format vor. Um diese Bilddaten verarbeiten zu können, war die Erweiterung der hier zum Einsatz kommenden Test-Software Atisa (vgl. Kap. 3.2) um ein Werkzeug zum Einlesen und Konvertieren von Dicom-Daten erforderlich. Da das Dicom-Format sehr komplex ist und dem Nutzer eine Vielzahl verschiedener Dienste zur Verfügung stellt, verursachte die Implementierung dieses Tools einen erheblichen Anteil des im Rahmen dieser Arbeit anfallenden Programmieraufwandes.

Die Szintigraphiebilder, welche die Grundlage für die zweite Testreihe bilden (vgl. Kap. 3.6.2), sind im weniger komplexen Interfile-Format gespeichert. Für das Importieren dieser Bilddaten in Atisa war die Implementierung eines einfachen Filters zum Auslesen binärer Bilddateien ausreichend.

Detaillierte Erläuterungen der beiden für diese Arbeit relevanten Speicherformate können in Anhang A.1 und A.2 nachgelesen werden.

### 2.1.3 Therapieplanung in der Onkologie

Der Begriff Onkologie kommt aus dem Griechischen und setzt sich aus *oncos* - die Anschwellung und *logos* - die Lehre zusammen. Folglich ist Onkologie die Lehre bzw.

die Wissenschaft vom Krebs und umfasst im engeren Sinne die Prävention, Diagnostik und Therapie von bösartigen Tumoren. Obwohl inzwischen eine Vielzahl verschiedener Therapieansätze für Krebserkrankungen existieren, bietet dieses Feld immer noch enormen Raum für Forschung und Entwicklung [ERBAR 1995].

Verfahren	Erläuterung
chirurgischer Eingriff	operatives Entfernen des veränderten Gewebes, sehr gute Heilungschancen  Nachteil: nur im frühen Stadium möglich
Chemotherapie	Eingriff in den Stoffwechsel der Zellen für Verhinderung der Zellteilung und damit des Tumorwachstums  Nachteil: nicht nur Krebszellen, sondern der gesamte Organismus ist betroffen
Strahlentherapie	Behinderung des Tumorwachstums bzw. Zerstörung von Krebszellen durch radioaktive Bestrahlung  Nachteil: ein Teil der Strahlung trifft und schädigt gesundes Gewebe
Radiorezeptorthherapie	Zerstörung des Tumors durch radioaktive Strahlung direkt am Tumor, nachdem sich ein mit einem radioaktiven Element bestückter Tracer an den Rezeptoren der Tumoroberfläche angelagert hat  Nachteil: bislang fast ausschließlich bei Tumoren an neuroendokrinen (hormonproduzierenden) Zellen anwendbar (< 0,5% aller Krebserkrankungen)

**Tabelle 2:** Therapieverfahren in der Onkologie [ERBAR 1995, WEHRMANN 2006]

Die vorangestellte Tabelle zeigt die drei klassischen Therapieverfahren. Darüber hinaus ist die Radiorezeptorthherapie als Beispiel für einen völlig neuen Ansatz, der u.a. an der Zentralklinik in Bad Berka erforscht wird, angeführt.

Bei nahezu allen bekannten Therapiearten bieten sich Einsatzfelder für die Bildverarbeitung. Der Arzt steht immer vor der Aufgabe, den Tumor zu lokalisieren und seine Größe und Form sowie seine Größenveränderung innerhalb eines bestimmten Zeitintervalls abzuschätzen und aus den so gewonnenen Erkenntnissen Therapiepläne abzuleiten. Dies geschieht stets anhand zuvor gewonnener Bilddaten, wie beispielsweise

die PET oder die Szintigraphie sie liefern (vgl. Kap. 2.1.1.2). Der Prozess der Bildsichtung und -auswertung kann mittels Operationen der Bildverarbeitung unterstützt oder sogar gänzlich automatisiert werden.

Neben dieser grundlegenden Anwendung gibt es noch andere Einsatzgebiete für Bildverarbeitung in der Onkologie, die stark an verschiedene Bildgebungsverfahren gekoppelt sein können. Da mit Hilfe der nuklearmedizinischen Bildgebung der Zerfall von radioaktiven Stoffen visualisiert wird, bieten solche Aufnahmen, die im Abstand weniger Stunden gewonnen werden, Informationen darüber, in welchem Maße ein individueller Organismus die aufgenommenen Tracer samt angelagerter radioaktiver Elemente absorbiert bzw. ohne Wirkung wieder ausscheidet. Diese Information ist insbesondere bei der Radiorezeptorthherapie von großer Bedeutung, da hier eine patientenspezifische Dosimetrie erfolgen muss, um eine wirksame Bestrahlung des Tumors zu erzielen (vgl. Kap. 3.6.2) [WEHRMANN 2006].

## **2.2 Relevante Bildverarbeitungsoperationen, Algorithmen und Kenngrößen**

Im Folgenden werden die für diese Arbeit relevanten Bildverarbeitungsoperationen, Algorithmen und Kenngrößen benannt, erläutert und ggf. hergeleitet; entscheidende Begriffsdefinitionen werden angeführt. In Anhang A.4 können die gängige Einteilung sowie die Definitionen von grundlegenden Bildverarbeitungsalgorithmen nachgelesen werden. In den folgenden Kapiteln wird zum Teil auf das dort erläuterte Grundlagenwissen zurückgegriffen.

### **2.2.1 Rauschunterdrückung in nuklearmedizinischen Bildern**

Bei medizinischen, nicht synthetischen Bildern ist die Bildinformation in der Regel von Rauschen überlagert. Als Rauschen bezeichnet man den Anteil eines Signals (in diesem Fall des Bildsignals), der kein definiertes Verhalten hat, sondern zufälligen, nicht vorhersagbaren Schwankungen unterliegt. Dementsprechend kann Rauschen mathematisch durch einen Zufallsprozess beschrieben werden [HANDELS 2000].

Um diese nie gänzlich vermeidbaren Bildstörungen zu reduzieren, können in einem Vorverarbeitungsschritt verschiedene lokale Glättungs-Operatoren (vgl. Anhang A.4 & A.5) zur Anwendung kommen. Die Wahl des Operators hängt stark von den zu filternden Bildern und ihren Rauscheinflussgrößen ab [HANDELS 2000].

Tabelle 3 beinhaltet eine Auflistung der wesentlichen Rauscheinflussgrößen auf das dieser Arbeit zugrunde liegende nuklearmedizinische Bildmaterial.

Rauschart	Erläuterung
Quantenrauschen (Poissonrauschen)	durch die Quantennatur des Lichts treffen Photonen (hier: $\gamma$ -Quanten) in zufällig verteilten Zeitabständen am Detektor ein  besonders hoch, wenn nur sehr wenige Quanten pro Zeiteinheit nachweisbar sind  Abhilfe: höhere Tracerdosierung
Quantisierungsrauschen	entsteht bei der Digitalisierung des analogen Signals durch Rundungsfehler  Abhilfe: größere Bittiefe
Ohm'sches Rauschen	entsteht durch Wärme in elektrischen Leitungen und Bauelementen, z.B. am Detektor  Abhilfe: Kühlung

**Tabelle 3:** Wesentliche Rauscharten in nuklearmedizinischen Bildern

Insbesondere das an erster Stelle erwähnte Quantenrauschen ist charakteristisch für nuklearmedizinische Bilder. Es äußert sich in relativ starken Grauwertänderungen benachbarter Bildpunkte, die eigentlich ein farblich homogenes Objekt beschreiben (vgl. Kap. 2.1.1.2 & 2.1.1.1).

Mathematisch lässt sich das Quantenrauschen als Poisson-Verteilung beschreiben. Diese Art der Wahrscheinlichkeitsverteilung ist gegeben, wenn die durchschnittliche Anzahl der Ereignisse das Ergebnis einer sehr großen Zahl von Ereignismöglichkeiten und einer sehr kleinen Ereigniswahrscheinlichkeit ist. Bei dem für die nuklearmedizinische Bildgebung notwendigen radioaktiven Zerfallsprozess zerfällt in einer Zeiteinheit aus einer sehr großen Anzahl von Atomen nur ein sehr kleiner Anteil. Darüber hinaus erfolgt der Zerfall rein zufällig und ist unabhängig von den schon zerfallenen Atomen.

Die Poisson-Verteilung wird durch den Parameter  $m$ , der zugleich Mittelwert und Standardabweichung der Quantenanzahl  $q$  pro Flächen- und Zeiteinheit ist, vollständig charakterisiert [BURKSCHAT et al. 2004, BOSCH 1996]:

$$p(q) = e^{-m} \cdot \frac{m^q}{q!} \quad (1)$$

Da die Untersuchung kantenlistenbasierter Kreuzkorrelationsverfahren zum automatischen Vergleich nuklearmedizinischer Bilder im Vordergrund dieser Arbeit steht, ist es unerlässlich, das stark verrauschte Bildmaterial vor der Kantenextraktion zu glätten und damit der fehlerhaften Detektion zufälliger „Rauschkanten“ vorzubeugen.

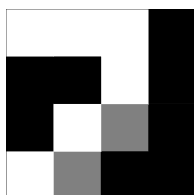
Mit Verweis auf die Ausführungen in Anhang A.5 ist das über eine Faltungsoperation mit dem Bild verknüpfte Gauß-Filter gut für die Glättung dieser Bilddaten geeignet. Es nimmt bei der Grauwertmittelung der im Filterfenster liegenden Bildpunkte eine entfernungsabhängige Wichtung zum Aufpunkt vor, so dass Objektkanten im Bild weitestgehend erhalten bleiben (vgl. Beispieldaten Kap. 3.6.1.3 & 3.6.2.3).

### **2.2.2 Extraktion und Speicherung von bildbeschreibenden Merkmalen**

Für die Beschreibung und den Vergleich von Bildern stehen eine Vielzahl bildbeschreibender Merkmale zur Auswahl.

Entscheidend für den erfolgreichen Bildvergleich ist es jedoch, geeignete Merkmale zur Reduzierung der zu vergleichenden Bilddaten auszuwählen und zu extrahieren und diese mit möglichst geringem zeitlichen Aufwand zu vergleichen. Dabei soll einerseits der Vergleichsvorgang der extrahierten Merkmale sehr schnell von statten gehen; andererseits sollen die Vergleichsergebnisse den anwendungsbezogenen Ansprüchen genügen. Die gleichzeitige Erfüllung beider Kriterien kann u.U. ein Optimierungsproblem darstellen.

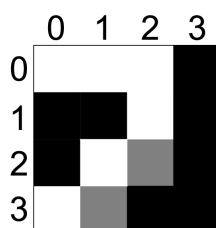
Anhand des folgenden synthetischen Bildbeispiels sollen insbesondere die Bildmerkmale, welche für den Bildvergleich in dieser Arbeit relevant sind, sowie Möglichkeiten ihrer Extraktion und Speicherung näher erläutert werden.



**Abb. 2.6:** Testbild, 8 bit Graustufenbild, 4x4 Px (Pixel)

### Grauwertortinformation

Die Grauwertortinformation umfasst die gesamte Bildinformation. Da keinerlei Bild-details weggelassen werden, findet keine Merkmalsextraktion in diesem Sinne statt. Die Bildinformation beinhaltet exakt einen Grauwert pro Pixelposition  $[x, y]$ .



**Abb. 2.7:** Testbild mit Pixelindizes in x- und y-Richtung

Die Speicherung der Grauwertortinformation ist als Vektor bzw. Liste möglich, wobei die Grauwerte zeilenweise beginnend links oben nacheinander abgelegt werden.

255	255	255	0	0	0	255	0	0	255	128	0	255	128	0	0
-----	-----	-----	---	---	---	-----	---	---	-----	-----	---	-----	-----	---	---

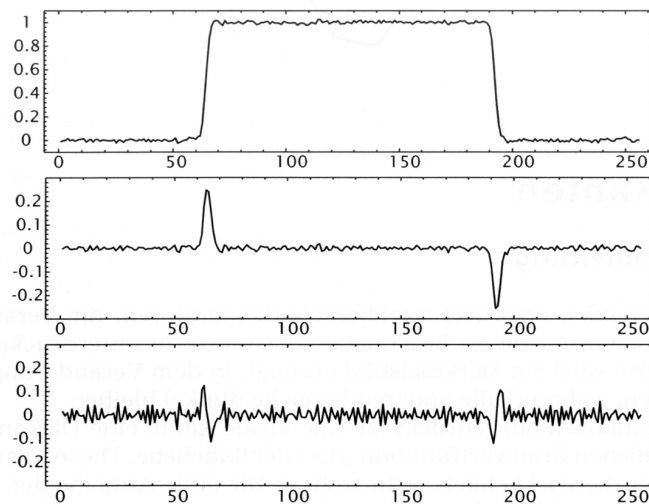
**Tabelle 4:** Grauwertvektor Testbild

Auf diesem Format basierende Vergleichsoperationen werden als pixelbasierte Ansätze bezeichnet. Aufgrund der vollständigen Bildinformation besteht für solche Verfahren ein hoher Rechen- und Speicherbedarf.

## Kanten und Konturen

Bei der Extraktion von im Bild vorhandenen Kanten und Konturen wird die bildbeschreibende Merkmalsanzahl stark beschränkt. Dabei werden vorhandene Kanten zunächst hervorgehoben; anschließend werden relevante Kantenpunkte extrahiert.

Für die Verstärkung der Grauwertveränderungen im Bild (Kanten) sind die Ableitungen des Bildsignals am besten geeignet. Während die erste Ableitung an Kanten Extremwerte (maximale positive oder negative Steigungen) aufweist, hat die zweite Ableitung an diesen Stellen Nulldurchgänge (keine Krümmung).



**Abb. 2.8:** Eindimensionale verrauschte Grauwertkanten und ihre ersten und zweiten Ableitungen [JÄHNE 2005, S. 346]

Eines dieser beiden Kriterien ist den verschiedenen Verfahren der Kantendetektion meist zugrunde gelegt; so basieren Gradienten-Operatoren auf der ersten, Laplace-Filter auf der zweiten Ableitung des Bildsignals.

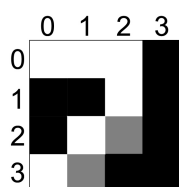
Die mathematische Herleitung dieser beiden grundlegenden Kanten-Operatoren kann im Anhang A.6 nachgelesen werden. Prinzipiell handelt es sich um lineare Filter (vgl. Anhang A.4), bei denen die Filtermaske über eine Faltung mit dem Bildsignal verknüpft wird.



Im Ergebnis der Filterung erhält man ein zweidimensionales Kantenbild, dessen Funktionswerte, dies können z.B. die Gradienten oder ihre Beträge sein, das Vorhandensein und die Stärke der im Bild vorhandenen Kanten widerspiegeln.

Die eigentliche Extraktion relevanter Kantenbildpunkte kann anschließend mit Hilfe einer Schwellwert-Operation erfolgen. Bildpunkte, deren Funktionswerte einen zuvor festgelegten Schwellwert übersteigen, werden in einer Kantenliste abgelegt. Dabei beinhaltet jeder Eintrag dieser Liste den Funktionswert und das dazugehörige Koordinatenpaar des Bildpunktes. Dies ermöglicht die Speicherung der Listeneinträge in beliebiger Reihenfolge. Über den Schwellwert kann die Kantenanzahl und damit der Detailgrad gesteuert werden. Je niedriger die Schwelle, umso feinere Kanten bleiben als Bildmerkmal erhalten [PIETRASZCZYK 2004].

Nimmt man beispielweise an, dass es sich bei dem zu Beginn dieses Kapitels betrachteten Testbild um ein Gradientenbetragsbild handelt, führt eine Schwellwertoperation mit einer Schwelle von 100 bzw. 200 zu folgenden Kantenlisten:



255	255	255	255	255	128	255	128
0	0	1	0	2	0	2	1
2	1	1	2	2	2	0	3
1	3	1	3				

255	255	255	255	255	255
0	0	1	0	2	0
2	0	2	1	1	2
0	3				

**Abb. 2.9:** Testbild

**Abb. 2.10:** Kantenlisten, Schwelle 100 (oben), 200 (unten)

Anstelle von 16 (4x4) Grauwerten enthalten die Kantenlisten lediglich 8 bzw. 6 Einträge zuzüglich der Pixelpositionen.

Mit sinkender Anzahl extrahierter Kantenpunkte sind erhebliche Rechenzeiterparnisse im Vergleich zur Nutzung der gesamten Bildinformation zu verzeichnen (vgl. Kap. 3.1).

Um insbesondere stark verrauschte medizinische Bilder sehr schnell, d.h. anhand einer geringen Kantenanzahl, und zudem erfolgreich vergleichen zu können, wurde am BMTI in Ilmenau ein spezieller regelbasierter Gradientenalgorithmus entwickelt, der auch in dieser Arbeit zur Anwendung kommt. Dieser Algorithmus extrahiert in Abhängigkeit

veränderlicher Parameter sehr zuverlässig tatsächliche Objektkanten unterschiedlicher Stärke und Länge [MASCHOTTA et al. 2005a, MASCHOTTA et al. 2005b].

Zur Vervollständigung der Ausführungen werden die Grundzüge dieses regelbasierten Gradientenalgorithmus hier dargelegt, ohne dabei jedoch auf Detailinformationen einzugehen. Die exakte Funktionsweise kann in [MASCHOTTA et al. 2005a] nachgelesen werden.

Prinzipiell kommen zwei eindimensionale Gradientenoperatoren unterschiedlicher Länge zur Anwendung. Mit Hilfe des ersten Filters  $[1, -1]$  wird der Beginn einer Kante durch das Überschreiten einer bestimmten Schwelle  $S_1$  ermittelt. Das zweite Filter, eine Kombination von Binomial- und Gradientenfilter, gibt an, wie lang ein „Plateau“ innerhalb eines Anstiegs sein darf, damit der Kantenbereich auf einem langen Anstieg nicht unterbrochen wird (Beispiel  $[1, 4, 6, 4, -15]$ : Filter der Länge 5). Durch die Wahl der Länge dieses Filters sowie seines Schwellwertes  $S_2$  können „falsche“ Unterbrechungen des Kantenbereichs, die lediglich auf Rauscheinflüsse zurückzuführen sind, vermieden oder verringert werden [MASCHOTTA et al. 2005a].

Die Resultate dieser beiden Filter werden mittels eines deterministischen endlichen Automaten zur tatsächlichen Kanteninformation zusammengefasst. Die so ermittelten Kantenpunkte werden in einer Kantenliste  $l(n)$  mit ihren Positionen  $[x, y]$  und ihrem Funktionswert  $f$  eingetragen.

$$\vec{l}(n) = \begin{pmatrix} l_x \\ l_y \\ l_f \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x \\ y \\ f(x, y) \end{pmatrix} \quad (2)$$

Erfolgt die Filterung in mehreren Ausrichtungen, z.B. zur gleichzeitigen Detektion horizontaler und vertikaler Kanten, werden die Ergebnislisten aneinander gehängt, so dass für eine Position  $(x, y)$  mehrere Funktionswerte  $f$  vorhanden sein können [MASCHOTTA et al. 2005a].

## Sonstige Merkmale

Neben der vollständigen Bildinformation (Grauwertortinformation) und den Bildkanten gibt es weitere Bildmerkmale, die entsprechend unterschiedlicher Anwendungsfälle für den Bildvergleich genutzt werden können. Da diese Merkmale für diese Arbeit nicht relevant sind, fasst die folgende Tabelle nur die wichtigsten unter ihnen zusammen.

Merkmal	Erläuterung
Grauwertinformation	Histogramm des Bildes kann als Liste bzw. Vektor gespeichert werden sehr schneller Bildvergleich möglich hier ungeeignet, da nuklearmedizinische Bilder stark verrauschte Grauwertbilder sind
Textur	Extraktion mittels spezieller, verschieden orientierter Filter dadurch sehr zeitaufwendig hier ungeeignet, da nuklearmedizinische Bilder nicht durch bestimmte Texturen charakterisiert sind
Metainformation	verbale Angaben zu abgebildeten Bildinhalten in Form von Schlagworten o.ä. ergänzend zum Bild gespeichert hier ungeeignet, da inhaltlich sehr exakte und detailnahe Vergleichsergebnisse gewünscht sind
...	...

**Tabelle 5:** Sonstige Merkmale zum Bildvergleich [SANDER und WERNER 2005]

### 2.2.3 Matching zum Bildvergleich

In der Bildverarbeitung bezeichnet der Begriff Matching den Vergleich zweier oder mehrerer Bilder. Der Bildvergleich kann dabei anhand eines oder mehrerer der in Kapitel 2.2.2 beschriebenen Bildmerkmale erfolgen.

Man bezeichnet das Bild oder den Merkmalsatz, welcher als Suchmuster dient, als Template. Während des Matchvorgangs wird das Template Stück für Stück über das zu durchsuchende Bild geschoben und für jede Position der Übereinstimmungsgrad zwischen Template und Bild mit Hilfe eines Abstandsmaßes ermittelt. Der maximale

Übereinstimmungsgrad liefert letztlich die Position des gesuchten Bildausschnitts [BALTSAVIAS 1999].

Mögliche Anwendungsfelder des Matchings sind die Suche nach dem Vorhandensein oder der Position eines bestimmten Objekts in einem Bild oder das Wiederfinden eines Einzelbildes in einer Bildserie.

Entsprechend dem Abstraktionsgrad der dem Vergleich zugrunde liegenden Bildinformation kann man verschiedene Matching-Verfahren klassifizieren:

pixelbasierte Verfahren	merkmalsbasierte Verfahren
direkte Verwendung der Bildinformation (Grauwertortinformation)	zuerst Merkmalsextraktion, dann Matching zwischen den Merkmalssätzen
Subpixel-Genauigkeit	manchmal Subpixel-Genauigkeit
hoher Rechenaufwand	geringerer Rechenaufwand
	Merkmale oft stabiler gegenüber Beleuchtungsschwankungen

**Tabelle 6:** Klassifizierung der Matching-Verfahren entsprechend dem Abstraktionsgrad der zugrunde liegenden Bildinformation, in Anlehnung an [BALTSAVIAS 1999]

Für das Erzielen guter Matchergebnisse sind insbesondere die fünf im Folgenden benannten Punkte entscheidend :

#### 1. Die Wahl des Templates

Das Template sollte sich bestmöglich vom Rest des zu durchsuchenden Bildes abheben. In der Praxis kann man diesen Punkt jedoch kaum beeinflussen, da die Aufgabenstellung das Template und das zu durchsuchende Bildmaterial vorgibt. Häufig liegt die Schwierigkeit genau darin, nicht eindeutig unterscheidbare Objekte oder Bildausschnitte zu finden oder zu lokalisieren.

In dieser Arbeit sind die Templates Szintigraphie- und PET-Bilder oder -Bildausschnitte, die mit einer Reihe von Szintigraphie- und PET-Bildern anderer Aufnahmezeitpunkte verglichen werden sollen (vgl. Kap. 3.6.1 & 3.6.2).

## 2. Die Wahl des Vergleichsmerkmals

Das Vergleichsmerkmal sollte das Template bestmöglich charakterisieren und entsprechend dominanter Bildmerkmale ausgewählt werden. Darüber hinaus wird seine Wahl durch die zum Matchen zur Verfügung stehende Rechenzeit sowie durch den erforderlichen Grad an Genauigkeit der Matchergebnisse beeinflusst (vgl. Kap. 2.2.2).

Medizinische Szintigraphie- und PET-Bilder sind stark verrauschte Grauwertbilder, in denen Tumore und stoffwechselaktive Organe hell erscheinen; der Rest des Bildes ist dunkel (eine invertierte Darstellung ist möglich). Daraus ist abzuleiten, dass zum einen die Grauwerte der einzelnen Bildpunkte (die Grauwertortinformation) und zum anderen die an den Hell-Dunkel-Übergängen vorhandenen Kanten diese Bilder sehr gut charakterisieren und folglich als Vergleichsmerkmal in Frage kommen. Inwieweit sich das starke Rauschen in den nuklearmedizinischen Bildern insbesondere auf die Zuverlässigkeit der Kantenextraktion und damit auf die Vergleichsergebnisse der kantenlistenbasierten Kreuzkorrelationsverfahren auswirkt, bleibt abzuwarten (vgl. Kap. 3).

## 3. Die Wahl des Verfahrens zur Extraktion des Vergleichsmerkmals

Nicht nur das dem Vergleich zugrunde liegende Merkmal als solches, sondern auch die Art seiner Extraktion hat erheblichen Einfluss auf die Rechenzeit und das Ergebnis des Matchvorgangs. Betrachtet man beispielsweise das Merkmal Bildkanten, können eine Vielzahl verschiedener Filter und Parameter bei der Extraktion zur Anwendung kommen (vgl. Kap. 2.2.2 & Anhang A.6). In Abhängigkeit des Filters und der gewählten Parameter kann das Merkmal sehr detailgetreu oder aber stark abstrahiert extrahiert werden.

Die Kantenextraktion in den Szintigraphie- und PET-Bildern erfolgt mit Hilfe eines im Vorfeld dieser Arbeit entwickelten regelbasierten Gradientenalgorithmus, der sich aus verschiedenen Gradienten-Operatoren zusammensetzt und zuverlässig tatsächliche Objektkanten auch in verrauschtem Bildmaterial extrahiert (vgl. Kap. 2.2.2) [MASCHOTTA et al. 2005a, MASCHOTTA et al. 2005b].

#### 4. Die Wahl des Abstandsmaßes

Ebenso wie die im letzten Punkt benannte Wahl des Extraktionsverfahrens hat auch das verwendete Abstandsmaß Einfluss auf das Matchergebnis. Bei gegebenen Bildbedingungen und zu vergleichenden Bildmerkmalen liefern verschiedene Abstandsmaße qualitativ unterschiedliche Ergebnisse (vgl. Kap. 3.1).

Typische Abstandsmaße sind verschiedene Kreuzkorrelationsalgorithmen. Eine Auswahl dieser steht im Vordergrund der Untersuchungen dieser Arbeit (vgl. Kap. 2.2.4).

#### 5. Das Vorhandensein störender Bildeigenschaften

Nach den vorangegangenen Ausführungen ist leicht nachzuvollziehen, dass sich auch störende Bildeigenschaften negativ auf das Matchergebnis auswirken können. Typische störende Einflussgrößen sind Bildrauschen (vgl. Kap. 2.2.1), Helligkeits- und Kontrastunterschiede sowie die veränderte Größe oder Aufnahmeperspektive des abgebildeten Objektes in Template und Untersuchungsbild.

Um den Einfluss zufälliger Störungen, wie beispielsweise das Bildrauschen, einzudämmen, können in einem Vorverarbeitungsschritt verschiedene Bildverarbeitungsoperationen zum Einsatz kommen (vgl. Anhang A.4). Andere Störungen, insbesondere solche, die auf unterschiedliche Bedingungen bei der Aufnahme von Template und Untersuchungsbild zurückzuführen sind, werden unter Umständen aufgrund der Extraktion geeigneter Merkmale und der Verwendung günstiger Abstandsmaße beim Matchvorgang ausgeglichen (vgl. Kap. 3.1). Entsprechend dem hier verwendeten, durch starkes Rauschen charakterisierten Bildmaterial und der angestrebten Extraktion von bildbeschreibenden Kanten ist eine vorherige Bildglättung unverzichtbar (vgl. Kap. 2.2.1).

Anknüpfend an vorangegangene Untersuchungen werden in dieser Arbeit die beiden bildbeschreibenden Merkmale Grauwertort- und Kanteninformation betrachtet. Basierend auf diesen Merkmalen werden zunächst verschiedene Kreuzkorrelationsalgorithmen zum Matchen natürlicher, d.h. verrauschter PET-Bilder untersucht und hinsichtlich der Qualität ihrer Ergebnisse verglichen (vgl. Kap. 3 & 3.6.1).

Unter Berücksichtigung der dabei gewonnenen Erkenntnisse (vgl. Kap. 3.6.1) wird in einem nächsten Schritt der beste dieser Algorithmen ausgewählt und seine Anwendbarkeit zur Lösung einer praxisnahen, auf Szintigraphiebilddaten basierenden Matching-Aufgabe untersucht (vgl. Kap. 3.6.2).

#### 2.2.4 Kreuzkorrelationsverfahren

In diesem Kapitel werden verschiedene Kreuzkorrelationsverfahren im Hinblick auf ihren Einsatz als Abstandsmaß beim Matchen von Bildern benannt und zum Teil erläutert.

Unter der Korrelation zweier Signale versteht man ganz allgemein die Übereinstimmung bestimmter Merkmale dieser Signale. Anders formuliert ist Korrelation ein Maß für den Zusammenhang zwischen beiden Signalen, der numerisch durch den Korrelationskoeffizienten  $K$  ausgedrückt werden kann. Liegt keine Beziehung zwischen den Signalen vor, bezeichnet man sie als unkorreliert und der Korrelationskoeffizient erzielt Werte nahe Null. Stehen beide Signale in einer „gleichläufigen“ Beziehung miteinander, spricht man von einer positiven Korrelation. Weisen die Signale eine „gegenläufige“ Beziehung zueinander auf, liegt eine negative Korrelation vor.

Bei der Autokorrelation wird ein Signal (z.B. ein Bild) mit sich selbst verglichen, indem es unter allen möglichen Verschiebungen mit sich selbst korreliert wird. Anwendungen sind in der Regel Mustererkennungsverfahren, bei denen nach identischen Strukturen an verschiedenen Stellen eines Signals gesucht wird.

Bei der Kreuzkorrelation wird ein vorab bekanntes Template mit einem Signal verglichen; ebenso ist der Vergleich zweier unbekannter Signale möglich. Analog zur Autokorrelation werden Template und Signal schrittweise an verschiedenen Positionen miteinander verglichen. Durch die Bestimmung von Extrema der Ergebnisfunktion kann man auf identische Merkmale in beiden Signalen schließen und deren Position bestimmen. Die Kreuzkorrelation eignet sich somit hervorragend für den Bildvergleich und die häufig damit verbundene Suche nach Objekten und ihrer Position in Bildern [JÄHNE 2005, KÄHLER 2004].

In Anlehnung an die vorgenommene Einteilung der Matching-Verfahren in pixelbasierte und merkmalsbasierte Verfahren (vgl. Kap. 2.2.3) sowie entsprechend der Vergleichsmerkmale Grauwertort- und Kanteninformation können die hier betrachteten Kreuzkorrelationsalgorithmen in pixelbasierte und kantenlistenbasierte Verfahren unterteilt werden. Die folgende Tabelle zeigt die wesentlichen unter ihnen.

pixelbasierte Kreuzkorrelation	kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation
basiert auf der Grauwertortinformaion	basiert auf der Kanteninformation
klassische Korrelation (pxbKK)	klassische Korrelation (klbKK)
normierte Korrelation (pxbNKK)	normierte Korrelation (klbNKK)
empirische Korrelation (pxbEKK)	empirische Korrelation (klbEKK)
Korrelationskoeffizient (pxbKoKo)	Korrelationskoeffizient (klbKoKo)
normierter Korrelationskoeffizient (pxbNKKoKo)	normierter Korrelationskoeffizient (klbNKKoKo)
Differenz-Korrelation (pxbDKK)	Differenz-Korrelation (klbDKK)
Binär-Korrelation (pxbBKK)	Binär-Korrelation (klbBKK)
u.a.	u.a.

**Tabelle 7:** Kreuzkorrelationsverfahren im Überblick [PIETRASZCZYK 2004]

Im Anschluss folgt die Herleitung einzelner, bei den Untersuchungen dieser Arbeit zur Anwendung kommender Kreuzkorrelationsalgorithmen; diese sind in obiger Tabelle grau hinterlegt.

### Klassische pixelbasierte Kreuzkorrelation

Die Kreuzkorrelation ist zurückzuführen auf die Berechnung der Summe der einfachen Differenzen der einzelnen Bildpunkte zwischen Template  $s'$  und Untersuchungsbild  $s$ .

$$Diff_{x,y} = \sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s'_{x',y'} - s_{x+x',y+y'} \quad (3)$$



Geht die Summe der Differenzen gegen 0, sind Template und Bildsignal einander ähnlich. Diese Schlussfolgerung kann jedoch fehlerbehaftet sein, da sich entgegengesetzte Vorzeichen in der Summe aufheben. Abhilfe schafft hier das Quadrieren der einzelnen Summanden [VERNON 1991].

$$QuadDiff_{x,y} = \sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j (s'_{x',y'} - s_{x+x',y+y'})^2 \quad (4)$$

Durch Ausmultiplizieren der quadrierten Differenz erhält man:

$$QuadDiff_{x,y} = \sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s'^2_{x',y'} + \sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s^2_{x+x',y+y'} - 2 \cdot \sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s'_{x',y'} \cdot s_{x+x',y+y'} \quad (5)$$

Es ist leicht nachzuvollziehen, dass der erste Term dieses Ausdrucks lediglich vom Template abhängt und somit eine Konstante beim Ermitteln der positionsabhängigen Ähnlichkeit zwischen Template und Bildsignal darstellt. Unter der Annahme, dass auch der zweite Term, also die Energie des Bildsignals, annähernd konstant ist, bleibt lediglich der letzte Term als Ähnlichkeitsmaß übrig. Aus diesem kann die Gleichung der klassischen pixelbasierten Kreuzkorrelation abgeleitet werden [VERNON 1991]:

$$K_{x,y,pxbKK} = \sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s'_{x',y'} \cdot s_{x+x',y+y'} \quad (6)$$

Gemäß Formel 6 ergibt sich der Aufwand zur Berechnung der Korrelationskoeffizienten für ein Bild der Größe  $[X, Y]$  und ein Template der Größe  $[X', Y']$  zu  $O(X \cdot Y \cdot X' \cdot Y')$ .

Anders als bei den zuerst beschriebenen Differenzen bedeutet ein hoher Wert hier große Ähnlichkeit zwischen Template und Bild, ein kleiner Koeffizient lässt hingegen geringe Ähnlichkeit erkennen [VERNON 1991].

Bezogen auf nicht negative Bildsignale der Bittiefe  $b$  liegt der Wertebereich der Korrelationskoeffizienten zwischen 0 und  $(2^b - 1)^2 \cdot X' \cdot Y'$ .

### Normierte pixelbasierte Kreuzkorrelation

Wie im vorangegangenen Kapitel beschrieben, basiert die klassische Kreuzkorrelation auf der Annahme, dass die Energie des Bildsignals in den jeweils vom Template überdeckten Bildausschnitten annähernd konstant ist. Das heißt, dass die Anwendung dieses Algorithmus bei Bilddaten mit großen Grauwertunterschieden verfälschte Ergebnisse liefert. Diesem Phänomen kann entgegengewirkt werden, indem die Korrelationskoeffizienten  $K_{x,y\_pxbKK}$  mit der Energie des aktuellen Bildsignalausschnitts normiert werden [VERNON 1991].

$$K_{x,y\_pxbKK} = \frac{\sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s'_{x',y'} \cdot s_{x+x',y+y'}}{\sqrt{\sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s_{x+x',y+y'}^2}} \quad (7)$$

Um die endgültige Formel der normierten Kreuzkorrelation zu erhalten, wird an dieser Stelle die Cauchy-Schwarz-Ungleichung eingeführt. Bezogen auf die hier betrachteten Signale ergibt sich diese zu [VERNON 1991]:

$$\left( \sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s'_{x',y'} \cdot s_{x+x',y+y'} \right)^2 \leq \sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s_{x',y'}'^2 \cdot \sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s_{x+x',y+y'}^2 \quad (8)$$

Nach einfachem Umstellen erhält man:

$$K_{x,y\_pxbKK} = \frac{\sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s'_{x',y'} \cdot s_{x+x',y+y'}}{\sqrt{\sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s_{x+x',y+y'}^2}} \leq \sqrt{\sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s_{x',y'}'^2} \quad (9)$$

Für diese Ungleichung liegt genau dann Gleichheit vor, wenn sich die Signale von Template und Bildausschnitt an jeder Stelle um denselben konstanten Faktor unterscheiden; sonst ist der rechte Term größer als der linke. Basierend auf diesem Wissen kann die normierte pixelbasierte Kreuzkorrelation wie folgt auf einen Wertebereich zwischen 0 und 1 skaliert werden [VERNON 1991]:

$$K_{x,y-pxbNKK} = \frac{\sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s'_{x',y'} \cdot s_{x+x',y+y'}}{\sqrt{\sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s_{x+x',y+y'}^2} \cdot \sqrt{\sum_{x'=-i}^i \sum_{y'=-j}^j s'^2_{x',y'}}} \quad (10)$$

Das Hinzukommen des Nenners führt zu einer spürbaren Erhöhung des Rechenaufwands im Vergleich zur klassischen pixelbasierten Kreuzkorrelation.

Die Koeffizienten der pixelbasierten normierten Kreuzkorrelation liegen zwischen 0 und 1, wobei 1 die exakte Übereinstimmung von Template und Bild signalisiert.

### Klassische kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation

Der kantenlistenbasierten Kreuzkorrelation liegen zuvor aus dem Bild extrahierte Kantenpunkte zugrunde (vgl. Kap. 2.2.2). Anstelle aller Bildpunkte von Template und Bildausschnitt werden lediglich die in den Kantenlisten enthaltenen Funktionswerte korreliert. Damit ergibt sich folgende Gleichung:

$$K_{x,y-klbKK} = \sum_{n=1}^N \sum_{n'=1}^{N'} K_{n,n'} \cdot p_{x,y,n,n'} \quad (11)$$

wobei:

$$K_{n,n'} = \begin{cases} 0 & \text{wo } l_f(n) = 0 \vee l'_f(n') = 0 \\ l_f(n) \cdot l'_f(n') & \text{sonst} \end{cases} \quad (12)$$

und:

$$p_{x,y,n,n'} = \begin{cases} 1 & \text{wo } \begin{matrix} x = l_x(n) - l'_x(n') \\ y = l_y(n) - l'_y(n') \end{matrix} \\ 0 & \text{sonst} \end{cases} \quad (13)$$

Die Kantenlisten  $l_f(n)$  und  $l'_f(n')$  enthalten lediglich die Funktionswerte (Gradienten), deren Beträge ungleich 0 sind bzw. einen festgelegten Schwellwert übersteigen. Damit

ist die Rechenzeit nicht mehr abhängig von der Template- und der Bildgröße, sondern lediglich von der Anzahl der extrahierten Kantenpunkte ( $O(N \cdot N')$ ). Die Kantenpunktanzahl kann wiederum über die veränderlichen Parameter der Kantenextraktion beeinflusst werden (vgl. Kap. 2.2.2) [MASCHOTTA et al. 2006].

Der zusätzliche Zeitaufwand zur einmaligen Extraktion der Kantenpunkte ist im Verhältnis zur Rechenzeiterparnis gegenüber der Anwendung der pixelbasierten Verfahren vernachlässigbar klein [MASCHOTTA et al. 2003].

Der Wertebereich der kantenlistenbasierten Koeffizienten liegt zwischen  $-(2^b - 1)^2 \cdot N'^2$  und  $(2^b - 1)^2 \cdot N'^2$ .

### Normierte kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation

Der Übergang der klassischen zur normierten kantenlistenbasierten Kreuzkorrelation erfolgt analog den vorangegangenen Betrachtungen der pixelbasierten Verfahren. Die Formel zur Berechnung des normierten kantenlistenbasierten Korrelationskoeffizienten ergibt sich zu:

$$K_{x,y,klbNKK} = \frac{\sum_{n=1}^N \sum_{n'=1}^{N'} K_{n,n'} \cdot p_{x,y,n,n'}}{\sqrt{\sum_{n=1}^N l_f^2(n) \cdot p_{x,y,n,n'}} \cdot \sqrt{\sum_{n'=1}^{N'} l_f'^2(n') \cdot p_{x,y,n,n'}}} \quad (14)$$

wobei  $K_{n,n'}$  und  $p_{x,y,n,n'}$  analog zur klassischen kantenlistenbasierten Kreuzkorrelation definiert sind.

Ebenso wie bei der pixelbasierten normierten Kreuzkorrelation erhöht sich die Rechenzeit durch die Normierung. Die Koeffizienten der normierten kantenlistenbasierten Kreuzkorrelation können Werte zwischen  $-1$  und  $1$  einnehmen [MASCHOTTA et al. 2006].

### Kantenlistenbasierte Differenz-Korrelation

Neben der klassischen und der normierten kantenlistenbasierten Kreuzkorrelation werden in dieser Arbeit auch die Matching-Ergebnisse der kantenlistenbasierten Differenz-

Korrelation beim Vergleich von Szintigraphie- und PET-Bildern untersucht. Wie der Name bereits sagt, basiert dieses Abstandsmaß auf der betragsmäßigen Differenz von Kantenlisteneinträgen. Die Berechnungsvorschrift ergibt sich zu:

$$K_{x,y\_klbDKK} = K_{x,y\_klbKK} = \sum_{n=1}^N \sum_{n'=1}^{N'} K_{n,n'} \cdot p_{x,y,n,n'} \quad (15)$$

wobei:

$$K_{n,n'} = \begin{cases} 0 & \text{wo } l_f(n) = 0 \vee l'_f(n') = 0 \\ |l_f(n) - l'_f(n')| & \text{sonst} \end{cases} \quad (16)$$

Gemäß dieser Berechnungsvorschrift führen große Übereinstimmungen zwischen Template und Bildausschnitt zu Werten nahe 0, während starke Abweichungen in großen Koeffizienten resultieren. Für den Vergleich mit den Ergebnissen der anderen Korrelationsverfahren ist eine Invertierung der Ergebnisse von Vorteil:

$$K_{n,n'} = \begin{cases} 0 & \text{wo } l_f(n) = 0 \vee l'_f(n') = 0 \\ \max(l(n)) - |l_f(n) - l'_f(n')| & \text{sonst} \end{cases} \quad (17)$$

Die Zeit zur Berechnung der Koeffizienten zwischen Template und Bild ist ähnlich kurz wie bei der klassischen kantenlistenbasierten Kreuzkorrelation. Der Wertebereich erstreckt sich zwischen 0 und  $2 \cdot (2^b - 1) \cdot N'^2$  [MASCHOTTA et al. 2006].

### 2.2.5 Bewertungskriterien für die Qualität von Kreuzkorrelationsalgorithmen beim Bildvergleich

Für die Bewertung der Qualität der Korrelationsalgorithmen beim Bildvergleich existieren verschiedene Kenngrößen, die im Folgenden näher benannt werden.

#### Korrelationskoeffizient und Position des Koeffizientenmaximums

Die wichtigste Kenngröße ist der Korrelationskoeffizient (vgl. vorangegangene Ausführungen). Bei allen hier betrachteten Algorithmen sollten die Korrelationskoeffizienten mit zunehmender Ähnlichkeit von Template und Bild steigen. Im Idealfall

sollte die Position ihrer größten Übereinstimmung den höchsten Koeffizienten liefern. Aufgrund der unterschiedlichen Berechnungsvorschriften für die Koeffizienten der einzelnen Algorithmen liegen ihre Ergebnisse innerhalb verschiedener Wertebereiche und sind quantitativ nicht direkt vergleichbar. Durch eine geeignete Skalierung ist jedoch eine gemeinsame Darstellung der Ergebnisse in einem Diagramm möglich [PIETRASZCZYK 2004] (vgl. Kap. 3.6.1.4).

### Peak Signal to Noise Ratio (PSNR)

Eine weitere Kenngröße zur Beurteilung der Qualität verschiedener Kreuzkorrelationsalgorithmen zum Bildvergleich ist das PSNR des Koeffizientenbildes. Es ist darstellbar als der Quotient vom Quadrat des maximalen Korrelationskoeffizienten abzüglich des Mittelwertes aller Koeffizienten und der gemittelten quadratischen Abweichung der Koeffizienten von ihrem Mittelwert.

Die folgende Formel zeigt diese Berechnungsvorschrift für pixelbasierte Koeffizientenbilder; sie ist analog auf kantenlistenbasierte Ergebnisse übertragbar.

$$PSNR_{X,Y} = 10 \log \left( \frac{(\max(K_{X,Y}) - \bar{K}_{X,Y})^2}{\frac{1}{X \cdot Y} \sum_{x=1}^X \sum_{y=1}^Y (K_{x,y} - \bar{K}_{X,Y})^2} \right) \quad (18)$$

Die Subtraktion des Koeffizientenmittelwertes in Zähler und Nenner führt zur Resistenz der Kenngröße gegenüber Mittelwertschwankungen [PIETRASZCZYK 2004].

Das PSNR ist ein Maß dafür, wie deutlich sich der maximale Peak, also der größte Korrelationskoeffizient, von den restlichen Koeffizienten im Bild unterscheidet. Es gibt damit an, wie deutlich bzw. wie zuverlässig das ermittelte Maximum die tatsächlich gesuchte Match-Position im Bild widerspiegelt.

Anders als die Korrelationskoeffizienten gestattet das PSNR als Kenngröße einen direkten quantitativen Vergleich der Korrelationsergebnisse verschiedener Algorithmen.

## **3    Untersuchung von Kreuzkorrelationsalgorithmen beim Matchen nuklearmedizinischer Bilddaten**

### **3.1    Bisheriger Kenntnisstand**

Die Untersuchung verschiedener Kreuzkorrelationsalgorithmen für den automatisierten Vergleich medizinischer Bilder ist bereits länger ein Forschungsschwerpunkt am BMTI in Ilmenau. Dabei steht insbesondere der Vergleich pixel- und kantenlistenbasierter Algorithmen als Abstandsmaß beim Bildmatching im Vordergrund. Das Ziel der Untersuchungen ist es, Aussagen über die Qualität und Zuverlässigkeit der Vergleichsergebnisse sowie über den benötigten Rechenaufwand der verschiedenen getesteten Algorithmen zu liefern [MASCHOTTA et al. 2004].

Folgende Teilaufgaben sind im Rahmen dieses Forschungsvorhabens zu berücksichtigen:

1. Die Wahl eines geeigneten Merkmals zum Vergleich medizinischer Bilder sowie die Entwicklung eines optimalen Verfahrens zu dessen Extraktion,
2. Der Vergleich verschiedener Kreuzkorrelationsalgorithmen zum Matchen der zuvor ausgewählten, extrahierten Bildmerkmale anhand synthetischer und medizinischer Testbilder unter „Laborbedingungen“; die Ableitung von Prognosen für den Praxiseinsatz,
3. Die Bestätigung bzw. Wiederlegung der zuvor gewonnenen Ergebnisse anhand realistischer Problemstellungen aus der Praxis (Gegenstand dieser Arbeit).

Die im Zuge vorangegangener Arbeiten gewonnenen Ergebnisse zu den Punkten 1. und 2. werden im Folgenden dargestellt.

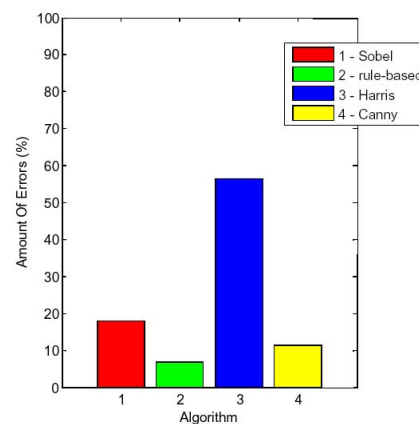
#### **1. Wahl und Extraktion eines Vergleichsmerkmals**

In den vorangegangenen Kapiteln wurde bereits angedeutet, dass die Wahl und die Extraktion von geeigneten Merkmalen für den Vergleich von medizinischen Bildern großen Einfluss auf die Qualität der Vergleichsergebnisse und ihren Berechnungsaufwand haben. Sowohl durch die Grauwertortinformation als auch durch im Bild

vorhandene Kanten ist eine Charakterisierung medizinischer Grauwertbilder, in denen sich interessante Bildregionen meist hell vom deutlich dunkleren Hintergrund abheben, denkbar.

Bei dieser Einschätzung muss jedoch berücksichtigt werden, in welchem Maße die eigentliche Bildinformation zum Zeitpunkt der Kantenextraktion von Rauschen überlagert ist (vgl. Kap. 2.2.1). Neben einer effektiven Rauschunterdrückung ist die zuverlässige Extraktion tatsächlicher Kantenpunkte durch einen leistungsfähigen Kantenextraktionsalgorithmus entscheidend für die Qualität der Vergleichsergebnisse beim Einsatz kantenlistenbasierter Kreuzkorrelationsverfahren.

Vor diesem Hintergrund wurde ein regelbasierter Gradientenalgorithmus entwickelt (vgl. Kap. 2.2.2) [MASCHOTTA et al. 2005a], dessen genauere Arbeitsweise gegenüber herkömmlichen Kantenextraktionsverfahren in einer Testreihe nachgewiesen werden konnte.



**Abb. 3.1:** Anzahl falsch detektierter Templates bei Verwendung verschiedener Kantenextraktionsverfahren in einer auf Fundusbildern basierenden Testreihe [MASCHOTTA et al. 2005b]

Bei diesem Test wurden aus verschiedenen Grauwertaufnahmen des Augenhintergrundes (Fundusbilder) Kantenlisten mittels eines Sobel-Operators, eines Harris-Operators, eines Canny-Operators und des regelbasierten Gradientenalgorithmus extrahiert (vgl. Anhang A.6). Diese wurden mit den ebenso extrahierten Kantenpunkten mehrerer in den Bildern enthaltener Templates unter Anwendung der einfachen kantenlistenbasier-



ten Kreuzkorrelation gematcht. Anschließend wurden aus dem Verhältnis von Treffern (der größte Korrelationskoeffizient wurde an der Stelle der höchsten Übereinstimmung von Template und Bild ermittelt) und Fehlschlägen die Fehlerraten für die verschiedenen Kantenalgorithmen ermittelt.

Anhand der in Abbildung 3.1 dargestellten Ergebnisse ist deutlich erkennbar, dass die Kantenextraktion mittels des regelbasierten Gradientenalgorithmus zu den besten Matchergebnissen in den medizinischen Bildern geführt hat [MASCHOTTA et al. 2005a, MASCHOTTA et al. 2005b].

Unabhängig von dem jeweils verwendeten Kantenextraktionsverfahren wurde im Zuge dieser Tests ein Zusammenhang zwischen der Größe des Templates im Sinne von der Anzahl der Kantenpunkte und der Qualität der Matchergebnisse ermittelt. Wie zu erwarten war, verschlechterte sich die Qualität der Matchergebnisse mit sinkender Kantenpunktanzahl [MASCHOTTA et al. 2005b].

## 2. Vergleich verschiedener Korrelationsalgorithmen im „Labor“

Nachdem ermittelt wurde, welches Kantenextraktionsverfahren die besten Voraussetzungen für einen erfolgreichen merkmalsbasierten Bildvergleich liefert, erfolgte die Untersuchung verschiedener kantenlisten- und pixelbasierter Kreuzkorrelationsverfahren. Dabei wurden folgende Korrelationsalgorithmen getestet:

pixelbasierte Kreuzkorrelation	kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation
(klassische) Korrelation (pxbKK)	(klassische) Korrelation (klbKK)
normierte Korrelation (pxbNKK)	normierte Korrelation (klbNKK)
empirische Korrelation (pxbEKK)	empirische Korrelation (klbEKK)
	Differenz-Korrelation (klbDKK)
	Binär-Korrelation (klbBKK)

**Tabelle 8:** Anhand künstlicher Testbilder untersuchte Kreuzkorrelationsalgorithmen; die im Zuge dieser Arbeit getesteten Algorithmen sind grau hinterlegt

Die Untersuchungen erfolgten unter Verwendung synthetischer Bilder, welche unterschiedliche weiße Objekte, wie Kreise, Dreiecke, Kreuze u.ä., vor schwarzem Hintergrund zeigten. Während der Tests wurden u.a. die Bildparameter Rauschen, Helligkeit, Kontrast, Objektskalierung und Unschärfe in unterschiedlichen Abstufungen variiert. Mit Hilfe dieser künstlich erzeugten Bildstörungen und -verfälschungen sollten realistische Bildeigenschaften simuliert und die Qualität der Ergebnisse der einzelnen Korrelationsalgorithmen unter diesen Bedingungen verglichen werden [PIETRASZCZYK 2004].

Als Kenngrößen zur Beurteilung der Ergebnisqualität wurden die Korrelationskoeffizienten sowie die Position ihres Maximums und das PSNR der Koeffizientenbilder herangezogen (vgl. Kap. 2.2.5). Je stabiler diese Kenngrößen bei der Veränderung eines Bildparameters blieben, desto robuster wurde der Algorithmus bewertet.

Ohne näher auf den detaillierten Testablauf einzugehen [PIETRASZCZYK 2004], werden im Folgenden die erzielten Ergebnisse zusammengefasst dargestellt, wobei: ++ sehr große Robustheit, + Robustheit, – Empfindlichkeit und -- sehr große Empfindlichkeit gegenüber einer Veränderung des benannten Parameters signalisiert.

Algorithmus	Rauschen	Helligkeitsschwankungen	Kontrastschwankungen	veränderte Objektgröße	Unschärfe
pxbKK	++	+	+	++	++
pxbNKK	++	–	–	+	+
pxbEKK	++	+	+	+	+
klbKK	–	–	+	–	–
klbNKK	–	–	+	–	–
klbEKK	–	–	+	–	–
klbDKK	–	--	–	--	–
klbBKK	--	--	–	--	--

**Tabelle 9:** Robustheit der verschiedenen Kreuzkorrelationsverfahren bei veränderten Bildparametern

Es ist erkennbar, dass die pixelbasierten Algorithmen beim Bildvergleich deutlich robuster gegenüber schwankenden Bildparametern sind als die kantenlistenbasierten Verfahren. Für eine korrekte Einschätzung dieser Ergebnisse ist es jedoch erforderlich, nicht nur die in Tabelle 9 dargestellten relativen Veränderungen der Kenngrößen, sondern auch ihre absoluten Werte bei zunehmenden Bildstörungen zu betrachten. Insbesondere beim quantitativ vergleichbaren PSNR der Koeffizientenbilder war zu erkennen, dass die Absolutwerte der kantenlistenbasierten Verfahren trotz starker Abnahme meist über den nahezu konstant niedrigeren Werten der pixelbasierten Verfahren lagen. Infolge dessen wäre es falsch, die kantenlistenbasierten Algorithmen generell schlechter als die pixelbasierten Verfahren einzustufen [PIETRASZCZYK 2004, MASCHOTTA et al. 2004].

Betrachtet man die pixel- und die kantenlistenbasierten Verfahren jeweils für sich, zeigte in Abhängigkeit des abgebildeten Objektes und des variierten Bildparameters mal der eine, dann wieder ein anderer Algorithmus bessere Ergebnisse, wobei die Absolutwerte der normierten Verfahren meist leicht über denen der nicht normierten lagen. Lediglich die binäre kantenlistenbasierte Korrelation hob sich durch schlechtere Ergebnisse von den anderen kantenlistenbasierten Verfahren ab [PIETRASZCZYK 2004, MASCHOTTA et al. 2003, MASCHOTTA et al. 2004].

Neben den synthetischen Bildern wurden in einer weiteren Testreihe medizinische Fundusbilder zum Vergleich der Matchqualität der verschiedenen Korrelationsalgorithmen herangezogen. Ohne den Testablauf hier näher zu erläutern, bestätigen die gewonnenen Ergebnisse die vorangegangenen Ausführungen [MASCHOTTA et al. 2003]. Insbesondere die Anwendbarkeit der gegenüber Bildstörungen empfindlicheren kantenlistenbasierten Verfahren auch bei medizinischen Bildern konnte hierbei nachgewiesen werden [MASCHOTTA et al. 2003].

Neben der Betrachtung der beiden Kenngrößen Korrelationskoeffizient und PSNR wurde bei diesem Test auch die Rechenzeit als Vergleichskriterium für die einzelnen Algorithmen herangezogen. Gemäß der Berechnungsvorschriften der Algorithmen und der daraus ableitbaren Rechenoperationen ergab sich beginnend mit dem schnellsten Algorithmus folgende Reihenfolge für die pixel- und die kantenlistenbasierten Verfahren [MASCHOTTA et al. 2003]:

pixelbasierte Algorithmen	kantenlistenbasierte Algorithmen
pxbKK	klbBKK
pxbNKK	klbDKK
pxbEKK	klbKK
	klbNKK
	klbEKK

**Tabelle 10:** Pixel- und kantenlistenbasierte Kreuzkorrelationsalgorithmen sortiert nach Rechenzeit (beginnend mit dem schnellsten Algorithmus)

Vergleicht man die Rechenzeit der pixel- und kantenlistenbasierten Verfahren untereinander, wird der bereits mehrfach erwähnte Vorteil der merkmalsbasierten Kreuzkorrelation allzu deutlich. Die kantenlistenbasierten Algorithmen arbeiteten bei den gegebenen Testbedingungen im Schnitt zwölfmal schneller als die pixelbasierten Verfahren. Selbstverständlich ist dieses Verhältnis nicht allgemeingültig, sondern hängt von der Art der Algorithmenimplementierung und insbesondere von der Anzahl der zuvor extrahierten Kantenpunkte ab [MASCHOTTA et al. 2003].

Unter Berücksichtigung der Gesamtheit dieser Ergebnisse lassen sich folgende Aussagen für die pixel- und kantenlistenbasierten Korrelationsverfahren ableiten:

pixelbasierte Kreuzkorrelation	kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation
sehr robust bei veränderten Bildparametern wie z.B. Rauschen	relativ empfindlich gegenüber veränderten Bildparametern
Matchergebnis maßgeblich von Objektfläche beeinflusst, nicht jedoch von Formen bzw. Konturen	Matchergebnis maßgeblich von Konturen im Bild beeinflusst
fehlende Genauigkeit für Unterscheidung ähnlicher Objekte bzw. kleiner Objektabweichungen	sehr exakte und detailnahe Objektunterscheidung möglich
hohe Generalisierbarkeit, d.h. Matchfolge auch bei abweichender Objektdarstellung	Generalisierung kaum möglich

pixelbasierte Kreuzkorrelation	kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation
hoher Rechen- und Zeitaufwand	sehr geringer Rechen- und Zeitaufwand (in Abhängigkeit von Kantenpunktanzahl)  Leistungsfähigkeit abhängig von zugrunde liegendem Kantenalgorithmus und Kantenpunktanzahl

**Tabelle 11:** Eigenschaften der pixel- und kantenlistenbasierten Kreuzkorrelationsalgorithmen beim Bildvergleich im Überblick

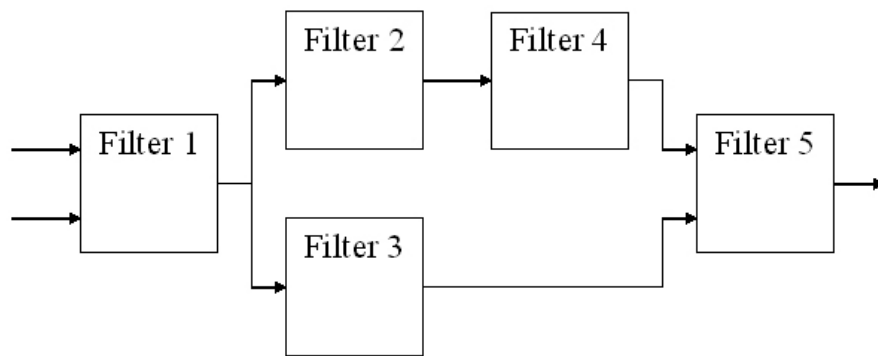
Diese Arbeit schließt sich den vorangegangenen Untersuchungen an und soll insbesondere die Eignung verschiedener Kreuzkorrelationsalgorithmen für den praktischen Einsatz beim automatisierten Vergleich nuklearmedizinischer Bilder zur Diagnose- und Therapieunterstützung in der Onkologie bewerten. Dabei liefert ein erster Test Aussagen über die Anwendbarkeit und die Leistungsfähigkeit der Algorithmen bei diesem extrem verrauschten Bildmaterial; in einer zweiten Testreihe wird der beste Algorithmus bei der Lösung einer praxisrelevanten Problemstellung erprobt.

## 3.2 Testumgebung

Ebenso wie die vorangestellten Untersuchungen erfolgen die im Rahmen dieser Arbeit durchgeführten Tests unter Verwendung der am BMTI an der TU Ilmenau entwickelten Software Atisa (Adaptive Time Series Analysis). Bei dieser Software handelt es sich um ein in C++ implementiertes Signalanalyse-Tool, das im Wesentlichen auf den drei objektorientierten Software-Architekturmustern „Pipes and Filters“, „Reflection“ und „Microkernel“ aufbaut [PIETRASZCZYK 2004].

Die Atisa-Architektur ermöglicht die einfache Erweiterung und Wiederverwendung implementierter Algorithmen, welche hier als Filter bezeichnet werden. Jedes Filter kann mehrere Ein- und Ausgänge besitzen und über diese mit anderen Filtern verbunden werden. Auf diesem Wege können Eingangsdaten be- bzw. verarbeitet und die Ergebnisse an ein nachgeschaltetes Filter weitergereicht werden. Die Verknüpfung und damit die Steuerung der Filter erfolgt über Skripte, die als Atisa-Pipeline-De-

scription bezeichnet werden und in \*.apd-Dateien gespeichert und wieder aufgerufen werden können. Die Skripte werden beim Start mit Hilfe eines Parsers in eine echte Pipeline umgesetzt und ausgeführt. Auf diese Art und Weise können weit verzweigte Pipeline-Filter-Systeme entstehen, die verschiedenartigste Funktionalitäten aufweisen [PIETRASZCZYK 2004]. Nähere Informationen zu den benannten Architekturmustern können beispielsweise in [BUSCHMANN 2000] nachgelesen werden.



**Abb. 3.2:** Beispielhafte Darstellung einer Atisa-Pipeline

Neben den in Atisa implementierten Algorithmen kommen verschiedene Softwarebibliotheken zum Einsatz. An erster Stelle sind die IPL (Image Processing Library) und die darauf basierende OpenCV-Bibliothek (Open Source Computer Vision) zu nennen. Dies sind kostenlose C++ Programmbibliotheken von Intel, welche Algorithmen für die Bildverarbeitung enthalten. Daneben wird zum Entwickeln von GUI-Elementen (Graphic User Interface) auf die VCL (Visual Component Library) zurückgegriffen. Diese von Borland erstellte Komponentenbibliothek für Windows-Anwendungen wird vom verwendeten Compiler C++ Borland Builder 6 mitgeliefert.

Zum Modellieren sowie zum Dokumentieren der gesamten Atisa-Software wird das auf UML (Unified Modelling Language) basierende OTW-Tool (Objekt Technologie Werkbank) verwendet. Auch die im Rahmen dieser Arbeit entstandenen Filter (vgl. Anhang A.9) sind darin integriert.

### 3.3 Betrachtete Algorithmen und Kenngrößen

Die Auswahl der getesteten Algorithmen und der berücksichtigten Kenngrößen erfolgt in Anlehnung an die Erkenntnisse der bisherigen Untersuchungen (vgl. Kap. 3.1).

Die empirischen Kreuzkorrelationsverfahren zum Bildvergleich werden nicht weiter untersucht, da sie bei deutlich höherem Rechenaufwand keine spürbar besseren Ergebnisse als die anderen Algorithmen liefern. Auch die binäre kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation scheidet trotz geringstem Rechenaufwand aus, weil sie bereits bei nur leicht veränderten Bildparametern deutlich schlechtere Ergebnisse als alle anderen kantenlistenbasierten Algorithmen aufweist (vgl. Kap. 3.1) [MASCHOTTA et al. 2003].

Lediglich die folgenden fünf Algorithmen werden für die weiteren Betrachtungen ausgewählt: die klassische und die normierte pixelbasierte Kreuzkorrelation, die klassische und die normierte kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation und die kantenlistenbasierte Differenz-Korrelation.

Die folgende Tabelle zeigt die relevanten Algorithmen und ihre Bezeichner, mit Hilfe derer sie in einer Atisa-Pipeline aufgerufen werden können:

Algorithmus	Bezeichner in Atisa
pxbKK	CVMatchTemplate, KK-Methode: 2
pxbNKK	CVMatchTemplate, KK-Methode: 3
klbKK	MatchEdgeNormiertLists, KK-Methode: 0
klbNKK	MatchEdgeNormiertLists, KK-Methode: 2
klbDKK	MatchEdgeNormiertLists, KK-Methode: 4

**Tabelle 12:** Untersuchte Kreuzkorrelationsalgorithmen und ihre Bezeichner in Atisa

Wie der Name bereits vermuten lässt, handelt es sich bei den pixelbasierten Korrelationsalgorithmen um Implementierungen aus der OpenCV-Bibliothek; die Berechnungsvorschriften für die kantenlistenbasierten Verfahren wurden im Rahmen einer vorangegangenen Arbeit selbst in Atisa implementiert [PIETRASZCZYK 2004].

Als Kenngrößen zur Bewertung der Qualität der verschiedenen Algorithmen werden wiederum die maximalen Korrelationskoeffizienten und das PSNR herangezogen (vgl. Kap. 2.2.5).

### **3.4    Verwendetes Bildmaterial**

Ziel dieser Diplomarbeit ist die Untersuchung der Anwendbarkeit von Kreuzkorrelationsalgorithmen für die Lösung realistischer Problemstellungen, die den automatisierten Vergleich nuklearmedizinischer Bilddaten erfordern. Hiefür werden wie bereits erwähnt verschiedene Szintigraphie- und PET-Bilder, die aus dem PET-Zentrum der Zentralklinik Bad Berka zur Verfügung gestellt werden, verwendet. Das Bildmaterial stammt von dort behandelten krebserkrankten Patienten. Im Zuge der Datenschutzbestimmungen werden nur Daten und Bilder verwendet, die zuvor von einer befugten Kontaktperson in Bad Berka anonymisiert wurden.

Sowohl bei den Szintigraphie- als auch bei den PET-Bildern handelt es sich um Grauwertbilder, in denen stoffwechselaktive Regionen, wie Tumore und innere Organe, hell, stoffwechselarme Regionen hingegen dunkel dargestellt sind. Aufgrund der Aufnahmetechnik sind die Bilder meist stark verrauscht und weisen andere Bildstörungen wie Unschärfe oder Kontrastunterschiede auf (vgl. Kap. 2.2.1).

### **3.5    Erwartete Ergebnisse**

Das dem Bildvergleich zugrunde liegende Bildmaterial und der bisherige Kenntnisstand über die Arbeitsweise der verschiedenen Korrelationsalgorithmen gestattet die Prognose möglicher Testergebnisse.

Das Ziel des Einsatzes des automatischen Bildvergleichs in der Onkologie ist meist die eindeutige Positionsbestimmung bzw. das Wiederfinden eines in einem Template abgebildeten Tumors. Damit es hierbei nicht zu Fehldetektionen kommt, muss der Vergleich sehr detailgetreu und exakt erfolgen. In Anbetracht des vorliegenden Bildmaterials, in dem Tumore und Organe als zum Teil ähnlich große, helle Gebiete erscheinen, wäre zu erwarten, dass die kantenlistenbasierten Verfahren eine genauere Unterscheidung



verschiedener Objekte und damit bessere Vergleichsergebnisse liefern. Eine hohe Generalisierung der Templateform, wie sie durch die pixelbasierten Verfahren erzielt wird, kann hier fehl am Platz sein. Die Arbeitsweise der pixelbasierten Algorithmen lässt außerdem vermuten, dass es hier im Gegensatz zu den kantenlistenbasierten Verfahren nicht zur eindeutigen Ausprägung eines maximalen Korrelationskoeffizienten an der tatsächlichen Templateposition kommt, sondern zu einer Anhäufung relativ hoher Koeffizienten an möglichen Trefferpositionen. Dies hätte ein sehr niedriges PSNR in den Koeffizientenbildern zur Folge.

Sowohl für die pixel- als auch für die kantenlistenbasierten Algorithmen ist des Weiteren ist zu erwarten, dass die Ergebnisse für die klassische pixel- und kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation aufgrund der fehlenden Koeffizientennormierung schlechter als die der anderen Algorithmen ausfallen (vgl. Kap. 2.2.4).

Für die gegenüber Bildstörungen sehr empfindlichen kantenlistenbasierten Verfahren bleibt abzuwarten, ob ihre Leistungsfähigkeit für den Vergleich von nuklearmedizinischen Bildern ausreichend ist. Nur wenn die Kombination von Glättungsfilter und Gradientenalgorithmus zur Extraktion tatsächlicher, die Bilder eindeutig charakterisierender Kanten führt, können die kantenlistenbasierten Korrelationsverfahren gute Vergleichsergebnisse liefern. Da von allen kantenlistenbasierten Verfahren die Differenz-Korrelation bislang am empfindlichsten auf Objektveränderungen reagierte, folglich am exaktesten arbeitete und zudem die geringste Rechenzeit benötigte, hat sie die größten Chancen, als bestes kantenlistenbasiertes Verfahren aus dieser Testreihe hervorzugehen.

### **3.6 Methodisches Vorgehen - Zwei Testreihen**

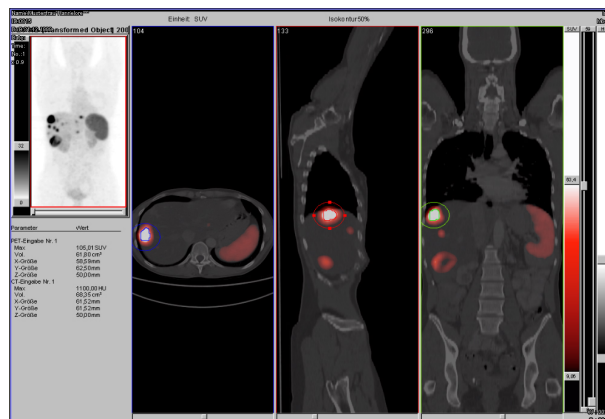
Im Folgenden werden die Durchführung sowie die Ergebnisse zweier Testreihen vorgestellt. Der erste Test soll die Anwendbarkeit der pixel- und kantenlistenbasierten Kreuzkorrelationsverfahren beim Vergleich nuklearmedizinischer Bilder untersuchen, ihre Ergebnisse vergleichen und gegebenenfalls den oder die in der Praxis einsetzbaren Algorithmen hervorheben (vgl. Kap. 3.6.1). In einer zweiten Testreihe soll darauf aufbauend das beste Verfahren bei der Lösung einer realistischen Problemstellung der Onkologie erprobt werden (vgl. Kap. 3.6.2).

### 3.6.1 Suche korrespondierender Querschnittsbilder in PET-Bildserien

#### 3.6.1.1 Das Verfahren und mögliche Anwendungsfelder

Eine wichtige Problemstellung, vor die das Ärzteteam der Onkologie immer wieder gestellt wird, ist die Lokalisierung und Bestimmung der Größe bzw. der Größenveränderung von Tumoren anhand von PET-Bildern. Aus diesen Daten lassen sich Aussagen über den Krankheitsverlauf und den bisherigen Therapieerfolg sowie anschließende Therapiepläne ableiten.

Bislang sieht ein Arzt die zum Zeitpunkt  $t_1$  gewonnenen Querschnittsbilder in horizontaler, vertikal frontaler und vertikal um 90° Grad rotierter Richtung und markiert mit Hilfe eines modernen Visualisierungstools die Position und den Umriss der maximalen Ausdehnung gefundener Tumore. Der folgende Screenshot des Dicom Viewers SIENET Magic View 300 von Siemens zeigt dieses Szenario beispielhaft. Bei dem dargestellten Bildmaterial handelt es sich um PET-CT-Fusionsbilder, welche durch die zusätzlichen Skelettinformationen der CT-Daten eine bessere Orientierung im Patientenkörper ermöglichen.



**Abb. 3.3:** Screenshot des Dicom Viewers SIENET Magic View 300 von Siemens; in dem horizontalen, vertikal rotierten und vertikalen Querschnittsbild (PET-CT-Fusion) ist die Kontur eines Tumors farbig markiert

Die Software wertet die vorgenommenen Markierungen des Arztes automatisch aus und bestimmt die Ausdehnung des Tumors in x-, y- und z-Richtung sowie sein Volumen.

Zum Zeitpunkt der Folgeuntersuchung werden dieselben Arbeitsschritte wiederholt. Der Arzt sichtet die Querschnittsbilder, sucht nach bekannten und gegebenenfalls neuen Tumoren und markiert deren Position und Umriss. Auf diesem Wege erhält er die gewünschten Informationen über das Tumorwachstum und damit verbundene Therapieerfolge bzw. -misserfolge.

Aufgrund der Tatsache, dass ein Patient bei mehreren PET-Bildaufnahmen niemals exakt dieselbe Position und Haltung einnimmt, kann es zu mehr oder weniger starken Verschiebungen des Index der Querschnittsbilder und der Position des Tumors innerhalb der Querschnittsbilder kommen, so dass der Arzt die Bilder aller Folgeuntersuchungen stets mit derselben Sorgfalt bearbeiten muss. Neben dem damit verbundenen Zeitaufwand birgt die subjektive Bestimmung der Position und Größe eines Tumors zu verschiedenen Zeitpunkten Fehlerquellen.

So kann es vorkommen, dass das ausgewählte Querschnittsbild einer Folgeuntersuchung gar nicht die Ausdehnung des Tumors an derselben Stelle im Körper wie die erste Untersuchung zeigt. Des weiteren kann die ermittelte Tumorgrößenveränderung fehlerbehaftet sein, weil beispielsweise die Markierung zum Zeitpunkt  $t_1$  großzügiger, d.h. an der Außenkontur des Tumors erfolgt ist, während zum Zeitpunkt  $t_2$  nur tatsächliche Tumorpixel umrandet wurden.

Zur Zeitersparnis und zur Vermeidung solch subjektiver Fehler ist der Einsatz eines Bildverarbeitungstools zur automatischen Bestimmung der Position und Größenveränderung eines Tumors in Folgeuntersuchungen denkbar. Anstelle der zuvor beschriebenen Arbeitsschritte verbleiben für den Arzt lediglich folgende Aufgaben zum Zeitpunkt  $t_1$ :

1. Bestimmung der Querschnittsbilder mit der größten Tumorausdehnung als Templates zum Wiederfinden der Tumorposition zu späteren Zeitpunkten (Querschnittstemplates; in horizontaler, vertikaler und vertikal rotierter Richtung),
2. einmalige Markierung der Tumorumrisse zur Vermessung,
3. Erzeugen von Templateausschnitten der Querschnittstemplates, die ausschließlich den Tumor zeigen (Tumortemplates; zur Bestimmung der Tumorgrößenveränderung zu späteren Zeitpunkten).

Mit Hilfe eines Querschnittstemplates könnte, möglicherweise durch den Einsatz der in dieser Arbeit behandelten Kreuzkorrelationsalgorithmen, das ähnlichste Querschnittsbild zum Zeitpunkt der Folgeuntersuchung bestimmt werden. In diesem Bild könnte anschließend festgestellt werden, ob der abgebildete Tumor gewachsen oder geschrumpft ist. Dies könnte durch mehrfaches Matchen des Bildes mit dem in verschiedenen Abstufungen größer und kleiner skalierten Tumortemplate erfolgen. Der Skalierungsfaktor des besten Korrelationsergebnisses würde dabei die Information über die Tumorgrößenveränderung in der Ebene liefern. Findet dieser Vorgang in wenigstens zwei der drei möglichen Querschnittsrichtungen (horizontal, vertikal oder vertikal rotiert) statt, wären Aussagen über die Änderung der Tumorgröße im Raum möglich. Alle genannten Arbeitsschritte könnten durch den Einsatz von Bildverarbeitungssoftware vollständig automatisiert ablaufen.

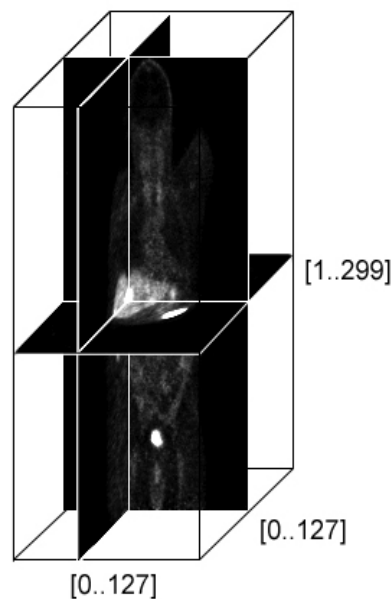
Im Rahmen dieses Tests soll lediglich der erste Arbeitsschritt, die Suche der ähnlichsten Querschnittsbilder zu unterschiedlichen Aufnahmezeitpunkten, mit Hilfe eines automatisierten Bildvergleichs erfolgen. Zur Lösung dieser Aufgabe sollen verschiedene Kreuzkorrelationsalgorithmen zur Anwendung kommen und ihre Leistungsfähigkeit bewertet und verglichen werden (vgl. Kap. 3.3).

#### **3.6.1.2 Ausgangsmaterial**

Als Bildmaterial dienen von der Zentralklinik Bad Berka bereitgestellte PET-Bildserien des anonymisierten Patienten „Musterkind Felix“. Die im Dicom-Format gespeicherten Bilder stammen von drei verschiedenen Aufnahmezeitpunkten; die erste Untersuchung erfolgte am 23.09.2004 ( $t_1$ ), die zweite am 6.1.2005 ( $t_2$ ) und die letzte am 20.5.2005 ( $t_3$ ).

Eine PET-Bildserie kann als 3D-Bildpunktquader verstanden werden, der beliebig in horizontale, vertikale und vertikal um 90° rotierte Querschnittsbilder zerlegt werden kann. Das hier verwendete Bildmaterial besitzt eine Auflösung von 128x128x299 Bildpunkten, so dass bei einer Zerlegung 299 horizontale und je 128 vertikale und vertikal rotierte Querschnittsbilder entstehen.

Der physische Abstand innerhalb des Patienten zwischen den Zentren zweier benachbarter Pixel in allen Richtungen beträgt 5,3 mm.



**Abb. 3.4:** PET-Bildserie „Musterkind Felix“ mit einer Auflösung von  $128 \times 128 \times 299$  Bildpunkten; bei den eingezeichneten Querschnittsbildern handelt es sich um die später zum Einsatz kommenden Templates

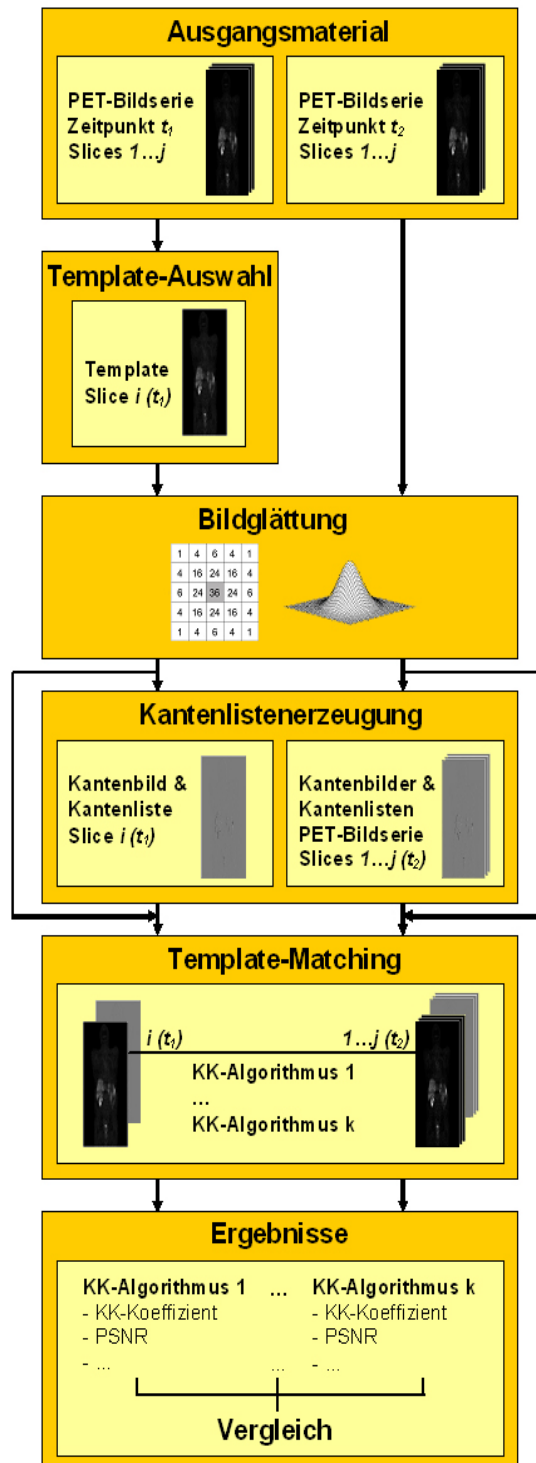
Die Grauwertinformation jedes Bildpunktes ist mit einer Bittiefe von 16 Bit (Integer) gespeichert. Da jedoch ein Großteil der bereits in Atisa implementierten und hier verwendeten Filter lediglich 8 Bit (Unsigned Character) Bilder verarbeiten kann, ist eine anfängliche Skalierung von 16 auf 8 Bit erforderlich.

Diese Wertebereichsanpassung sollte nach Möglichkeit vor der Zerlegung des 3D-Datenblocks in Einzelbilder erfolgen. Auf diesem Wege wird sichergestellt, dass die Grauwerte aller Bildpunkte relativ zum höchsten Grauwert der gesamten Aufnahme skaliert werden.

Wie bereits mehrfach erwähnt, handelt es sich bei dem PET-Bildmaterial um stark verbrauchte Bilder (vgl. Kap. 2.2.1). Die schlechte Qualität und die geringe Ortsauflösung sind auf die Aufnahmetechnik der PET zurückzuführen (vgl. Kap. 2.1.1.2).

### 3.6.1.3 Durchführung

Die folgende Grafik zeigt die einzelnen Arbeitsschritte beim Testablauf.



**Abb. 3.5:** Automatisierte Suche korrespondierender Querschnittsbilder in PET-Bildserien

Zur Vereinfachung ist nur der Arbeitsablauf anhand der vertikalen Querschnittsbilder dargestellt und im Folgenden beschrieben; mit den horizontalen und vertikal rotierten Bildern wird auf dieselbe Weise verfahren.

In einem ersten Schritt wird aus der Bildserie zum Zeitpunkt  $t_1$  ein Querschnittsbild, das den Tumor zeigt, als Template extrahiert. Sowohl das Template als auch die Bildserie, mit der es verglichen werden soll, werden anschließend geglättet. Hierfür kommt ein Gaußfilter zum Einsatz (vgl. Kap. 3.6.1.3).

Für den kantenlistenbasierten Bildvergleich ist danach die Kantenextraktion in Template und Bildserie unter Anwendung des regelbasierten Gradientenalgorithmus erforderlich (vgl. Kap. 3.6.1.3). Die so gewonnenen Kantenlisten bilden die Grundlage für den anschließenden Matchvorgang. Beim pixelbasierten Bildvergleich kommt das geglättete Bildmaterial direkt zum Einsatz.

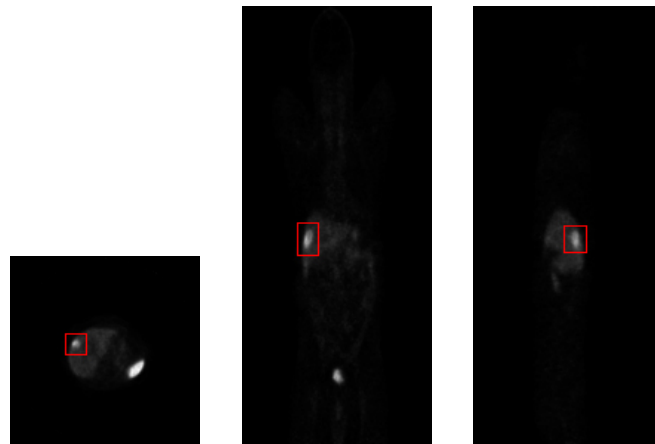
Da die Ergebnisse verschiedener pixel- und kantenlistenbasierter Korrelationsalgorithmen verglichen werden sollen, findet der Matchvorgang mit demselben Bildmaterial je einmal unter Anwendung eines jeden Algorithmus statt. Anschließend werden die gewonnenen Kenngrößen gegebenenfalls im Wertebereich angepasst, ausgewertet und verglichen (vgl. Kap. 3.6.1.3 & 3.6.1.4).

Die Umsetzung und Abarbeitung all dieser Arbeitsschritte erfolgt unter Verwendung z.T. bereits vorhandener, z.T selbst implementierter Filter und im Anschluss erstellter Atisa-Pipeline-Description-Dateien (vgl. Anlage CD/Quellcode/Pipelines).

### Templateauswahl

Da die Suche korrespondierender PET-Querschnittsbilder zu unterschiedlichen Untersuchungszeitpunkten später eventuell dazu dienen soll, die Größenveränderung eines darin abgebildeten Tumors zu bestimmen, sollen die als Template ausgewählten Bilder den Tumor in seiner maximalen Ausdehnung zum Zeitpunkt  $t_1$  zeigen.

Für diese Testreihe wurden drei Templates, je eins in horizontaler, vertikaler und vertikal rotierter Richtung, des Datensatzes „Musterkind Felix“ zum Zeitpunkt  $t_1$  ausgewählt. Alle drei Templates bilden denselben, hier rot eingerahmten Lebertumor im Querschnitt ab (vgl. Abb. 3.4).



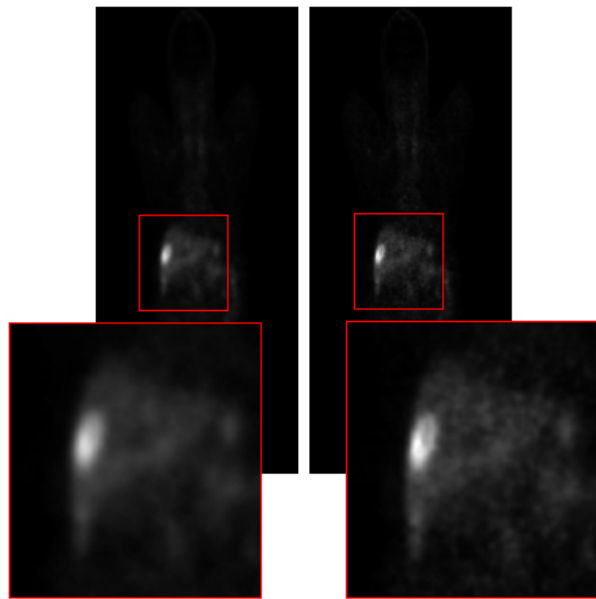
**Abb. 3.6:** Horizontales, vertikales und vertikal rotiertes Template (von links nach rechts)

Die Indizes der als Templates gewählten Querschnittsbilder lauten in horizontaler Richtung 160, in vertikaler Richtung 69 und in vertikal rotierter Richtung 84. Die Auflösung des horizontalen Templates beträgt  $128 \times 128$  Bildpunkte, die des vertikalen und vertikal rotierten Templates jeweils  $128 \times 299$  Bildpunkte.

Die Bittiefe jedes einzelnen Bildpunktes beträgt ursprünglich 16 Bit. Wie bereits in Kapitel 3.6.1.2 beschrieben, findet eine Umwandlung des Datentyps in 8 Bit Unsigned Character statt. Um eine Verfälschung des Wertebereiches auszuschließen, darf die Extraktion der Templates erst nach der Datentypumwandlung erfolgen.

### Bildglättung

Sowohl das extrahierte Template als auch die damit zu vergleichende Bildserie werden in einem Vorverarbeitungsschritt mit einem Gaußfilter der Größe  $5 \times 5$  geglättet (vgl. Kap. 2.2.1). Hierfür kommt das `Ipl_Convolution-Filter`, das auf eine Implementierung der IPL-Bibliothek zurückgreift, zur Anwendung.



**Abb. 3.7:** Vertikales Template, geglättet (links) und ungeglättet (rechts)

Abbildung 3.7 zeigt das vertikale Template vor und nach seiner Glättung; ein Bildausschnitt, der den Tumor beinhaltet, ist jeweils vergrößert dargestellt. Es ist zu erkennen, dass nach der Glättung deutlich weniger, durch Rauschen zufällig entstandene Hell-Dunkel-Unterschiede im Bild vorhanden sind. Dadurch ist eine Verbesserung der Vergleichsergebnisse zu erwarten.



## Merkmalsextraktion

Während bei den pixelbasierten Verfahren direkt das geglättete Bildmaterial zum Matchen verwendet werden kann, ist für die kantenlistenbasierten Algorithmen ein Zwischenschritt zur Kantenextraktion erforderlich. Sowohl im Template als auch in den Bildern der zu vergleichenden Bildserie kommt hierfür der in Kapitel 2.2.2 beschriebene regelbasierte Gradientenalgorithmus zur Anwendung. Das entsprechende Filter kann in Atisa unter der Bezeichnung `ScaleEdgeDetectVectorMatrixList2Dim` aufgerufen werden.

Mit Hilfe der drei veränderlichen Parameter des Gradientenalgorithmus wird seine Empfindlichkeit und folglich die Anzahl der extrahierten Kantenpunkte gesteuert (vgl. Kap. 2.2.2). Die Schwelle des ersten Gradientenfilters, das zur Detektion der Kantenanfangspunkte dient, bekommt den Wert 10 zugewiesen. Die Schwelle und die Länge des zweiten Binomial-Gradientenfilters, das steuert, wie sensibel der Algorithmus auf kleine Kantenunterbrechungen reagiert, beträgt jeweils 5. Bei diesen Werten handelt es sich um Erfahrungswerte aus vorangegangenen Testreihen (vgl. Kap. 3.1).

Die Anwendung des regelbasierten Gradientenalgorithmus mit diesen Parametern führt zu folgenden Kantenbildern der Templates:



**Abb. 3.8:** Horizontales, vertikales und vertikal rotiertes Templatekantenbild nach Anwendung des regelbasierten Gradientenalgorithmus (von links nach rechts)

Es ist deutlich zu erkennen, dass in allen drei Templates eine sehr geringe Kantenpunktanzahl extrahiert wird; im horizontalen Template sind es 166 Kantenpunkte aus 16384 ( $128 \times 128$ ) Bildpunkten, im vertikalen Template 140 Kantenpunkte aus 38272 ( $128 \times 299$ ) Bildpunkten, im vertikal rotierten sogar nur 123 aus 38272.

Diese Zahlen lassen den enormen Geschwindigkeitsvorteil bei der Nutzung der kantenlistenbasierten anstelle der pixelbasierten Korrelationsalgorithmen zum Bildvergleich erkennen. Andererseits verdeutlichen sie die extreme Verknappung der bildbeschreibenden Informationen und zeigen, welche hohen Anforderungen in diesem Test an die kantenlistenbasierten Verfahren gestellt werden.

### **Templatematching**

Bei der praktischen Durchführung des Matchings anhand des hier verwendeten Bildmaterials müssen einige Besonderheiten beachtet werden, auf die zunächst hingewiesen werden soll.

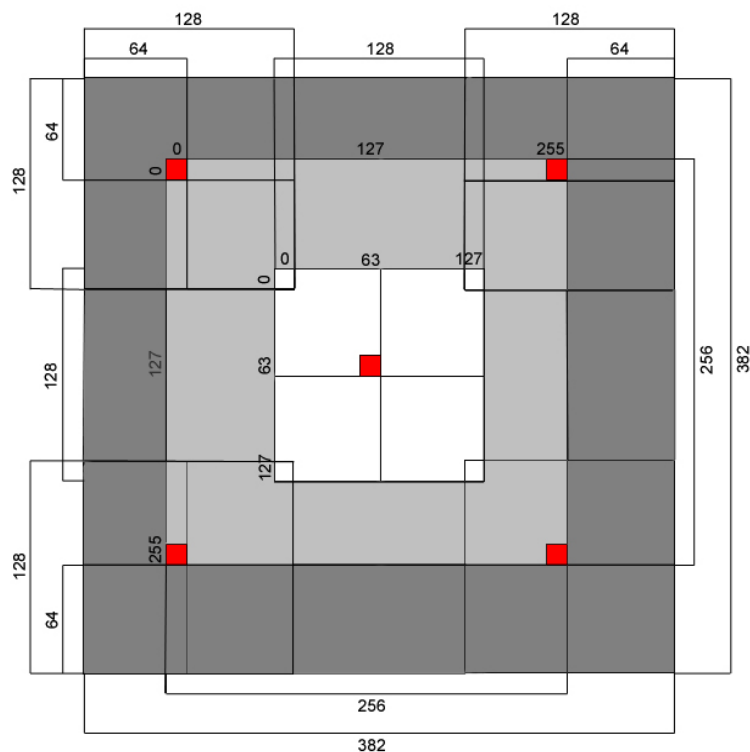
Die hier zur Anwendung kommenden Kreuzkorrelationsverfahren können gemäß ihrer Berechnungsvorschriften als Faltungsoperationen verstanden werden (vgl. Kap. 2.2.4). Hierbei wird ein Template pixelweise über ein Bild geschoben und währenddessen über eine Vergleichsoperation mit den von ihm überlappten Bildpixeln verknüpft. Das Ergebnis dieser Operation wird an die jeweilige Position des zentralen Templatepixels im Ergebnisbild zurückgeschrieben (vgl. Anhang A.4). Völlig unberücksichtigt blieb bei den bisherigen Ausführungen jedoch, was an den Rändern, wo Template und Bild sich nur zum Teil überlagern, geschieht (Randproblem).

Die einfachste Art, dieses Problem zu lösen, ist Template und Bild nur an den Positionen zu matchen, wo sie sich vollständig überlappen, und den Randbereich der teilweisen Überdeckung auszulassen. Auf diese Weise verringert sich die Größe des Bildes im Ergebnis an jedem Rand um ca. die halbe Templategröße.

Ein Blick auf die Dimensionen der hier verwendeten Bilder und Templates zeigt, dass beide dieselbe Größe haben. Folglich würde der Matchvorgang bei der oben genannten Verfahrensweise lediglich an einer Stelle erfolgen. Die Vorüberlegungen aus Kapitel

3.6.1.1 haben jedoch gezeigt, dass aufgrund einer anderen Haltung bzw. Positionierung des Patienten bei der Bildaufnahme zu unterschiedlichen Aufnahmezeitpunkten korrespondierende Querschnittsinformationen um etliche Bildpunkte versetzt sein können. Demnach ist das Matchen von Template und Bildern an nur einer Position für die Bewältigung dieser Aufgabe nicht ausreichend.

Eine andere, hier zur Anwendung kommende Lösung bietet die Vergrößerung der Querschnittsbilder um die um einen Bildpunkt verringerte Templategröße in jede Richtung. Die hinzugefügten Bildpunkte erhalten den Grauwert 0 (schwarz) und nehmen demzufolge keinen Einfluss auf das Korrelationsergebnis. Auf diese Weise wird gewährleistet, dass sich Template und Bild bis zu ihren Randpixeln überlappen und an entsprechend vielen Positionen Matchergebnisse zwischen beiden ermittelt werden (vgl. Abb. 3.9, eine nähere Erläuterung der Grafik folgt im Text).



**Abb. 3.9:** Behandlung des Randproblems und Position des zentralen Pixels beim kantenlistebasierten horizontalen Matching

Neben der Lösung des Randproblems muss eine weitere Besonderheit des hier verwendeten Bildmaterials Beachtung finden. Normalerweise werden Templates derart ausgewählt bzw. bearbeitet, dass sie eine ungerade Bildpunktanzahl aufweisen und das zentrale Pixel genau in der Mitte liegt. Da hier jedoch keine Bildausschnitte, sondern komplette Bilder als Templates dienen, besitzen sie auch dieselbe Größe wie die Querschnittsbilder der PET-Bildserie ( $128 \times 128$ ,  $128 \times 299$ ). Aufgrund der geraden Pixelanzahl in wenigstens einer der beiden Dimensionen gibt es keinen Bildpunkt, der exakt mittig liegt und als zentrales Pixel verwendet werden kann. In diesem Fall entscheidet die jeweilige Implementierung des Korrelationsalgorithmus darüber, an welchen Bildpunkt in Zentrumsnähe das Matchergebnis zurückgeschrieben wird.

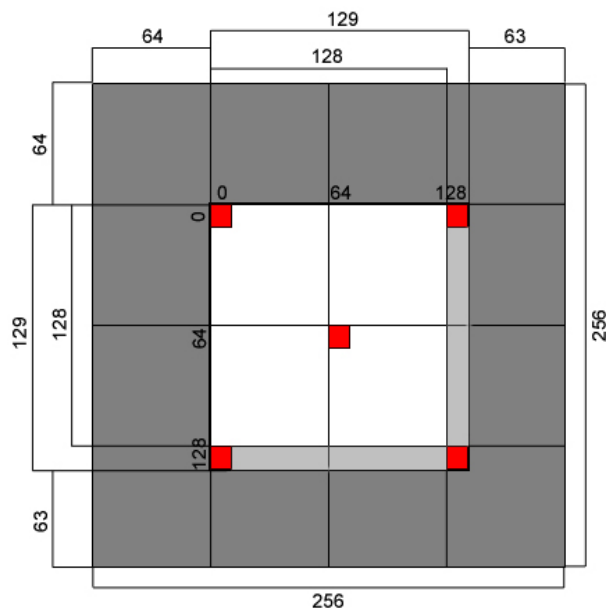
Sowohl die Randpixelbehandlung als auch die Positionierung des zentralen Pixels sind in Abbildung 3.9 für den horizontalen kantenlistenbasierten Matchvorgang dargestellt. Zur Vereinfachung wird bei den folgenden Ausführungen nicht berücksichtigt, dass beim kantenlistenbasierten Matchen anstelle aller Funktionswerte ( $128 \times 128$ ) lediglich die in den Kantenlisten gespeicherten Gradientenwerte ungleich 0 verglichen werden. Am Prinzip der Lösung des Randproblems ändert sich dadurch nichts.

Die Abbildung zeigt in der Mitte das ursprüngliche Querschnittsbild (weiß) mit einer Größe von  $128 \times 128$  Bildpunkten. Nach oben, unten, links und rechts ist ein schwarzer Rahmen der Größe des Templates vermindert um eins angefügt (jeweils 127 Bildpunkte); dieser erscheint in der Abbildung dunkelgrau. Während des Matchvorgangs wird das Template pixelweise über das um den Rahmen erweiterte Querschnittsbild geschoben und das Korrelationsergebnis an der Stelle des zentralen Pixels ins Koeffizientenbild geschrieben. Das zentrale Pixel ist in der Abbildung rot dargestellt und hat die Koordinaten  $[63, 63]$  innerhalb des Templates. Auf diese Weise erhält man das hellgrau hinterlegte Koeffizientenbild mit den Dimensionen  $255 \times 255$  als Ergebnis (vgl. Abb. 3.9).

Die vorangegangenen Erläuterungen sind für die kantenlistenbasierten Verfahren zutreffend und gelten analog für die vertikalen und vertikal rotierten Querschnittsbilder. Diese Lösung des Randproblems ist durch die Algorithmenimplementierungen in Atisa vollständig gewährleistet.

Die auf der OpenCV-Bibliothek basierenden Implementierungen der pixelbasierten Verfahren lösen das Randproblem auf die andere, zuerst genannte und für dieses Bildmaterial sehr ungeeignete Variante des Weglassens nicht vollständig von Template und Bild zugleich überlappter Bildpunkte. Dies macht es erforderlich, vor dem Matchvorgang „manuell“ einen schwarzen Rahmen um die Querschnittsbilder zu legen.

Da hier anders als bei den kantenlistenbasierten Verfahren tatsächlich alle jeweils vom Template überlagerten Bildpunkte in die Berechnung des Korrelationsergebnisses eingehen, führt die Vergrößerung des Querschnittsbildes zu einer enormen Erhöhung der Rechenzeit. Die Aufgabenstellung und das Bildmaterial erlauben es jedoch, anstelle eines Rahmens mit voller Templategröße lediglich die halbe Anzahl schwarzer Bildpunkte in jeder Richtung anzufügen. Dies ist möglich, da sich die interessanten Bildinformationen stets in Zentrumsnähe des Bildes befinden und somit ein Vergleich der Randpixel überflüssig ist.



**Abb. 3.10:** Behandlung des Randproblems und Position des zentralen Pixels beim pixelbasierten horizontalen Matching

Die vorangestellte Abbildung zeigt das horizontale Querschnittsbild der Größe  $128 \times 128$  erneut weiß in der Mitte. Der schwarze Rahmen mit halber Templategröße ist wieder-

um dunkelgrau hinterlegt und führt zu einer Vergrößerung der zu matchenden Fläche auf  $256 \times 256$  Bildpunkte. Anders als bei den kantenlistenbasierten Verfahren weist das Koeffizientenbild als Ergebnis dieselben Maße wie das Querschnittsbild lediglich vermehrt um ein Pixel in jede Dimension auf. Das zentrale Pixel besitzt bei der Implementierung der OpenCV-Bibliothek die Templatekoordinaten  $[64, 64]$ .

Analog zu diesen Betrachtungen ist wiederum die Vorgehensweise beim Vergleich der vertikalen und vertikal rotierten Querschnittsbilder.

Die folgende Tabelle fasst die Größe aller Querschnittsbilder mit und ohne schwarzen Rahmen sowie die Dimensionen der Koeffizientenbilder (Matchergebnisse) für die pixel- und kantenlistenbasierten Kreuzkorrelationsverfahren zusammen. Darüber hinaus sind die Koordinaten der zentralen Pixel in den Templates angeführt.

	kantenlistenbasierte Verfahren			pixelbasierte Verfahren		
Querschnitts- bilder	Bildgröße mit Rahmen	Bildgröße Koeff.bild	Koord. zentr. Px	Bildgröße mit Rahmen	Bildgröße Koeff.bild	Koord. zentr. Px
horizontal 128x128	382x382	255x255	$[63, 63]$	256x256	129x129	$[64, 64]$
vertikal 128x299	382x895	255x597	$[63, 149]$	256x599	129x301	$[64, 149]$
vertikal rotiert 128x299	382x895	255x597	$[63, 149]$	256x599	129x301	$[64, 149]$

**Tabelle 13:** Dimensionen der Templates, Querschnittsbilder (mit und ohne Rahmen) und Koeffizientenbilder; Position des zentralen Pixels in den Templates

Abschließend sollen in diesem Kapitel die Art und Anzahl der durchzuführenden Matchvorgänge benannt werden.

Alle drei Templates werden auf die oben beschriebene Weise mit den jeweils entsprechenden horizontalen, vertikalen bzw. vertikal rotierten Bildserien der Zeitpunkte  $t_1$ ,  $t_2$  und  $t_3$  unter Anwendung aller fünf im Test befindlichen Algorithmen verglichen. Insgesamt führt das zu 45 Matchvorgängen (3 Templates x 3 Zeitpunkte x 5 Algorithmen), wobei jeder Matchvorgang die Korrelation eines Templates mit 299 horizontalen bzw. 128 vertikalen oder vertikal rotierten Bildern beinhaltet.

### 3.6.1.4 Ergebnisse

Im Ergebnis des Bildvergleichs erhält man für jeden der 45 Matchvorgänge 299 bzw. 128 Koeffizientenbilder, mit Hilfe derer im Anschluss die jeweils ähnlichsten Bilder zu den Templates bestimmt werden sollen. Dies geschieht unter Betrachtung des maximalen Korrelationskoeffizienten als Kenngröße (vgl. Kap. 2.2.5). Der Index des Koeffizientenbildes einer jeden Serie, das den höchsten Koeffizienten beinhaltet, kennzeichnet im Idealfall das Bild mit der größten Ähnlichkeit zum Template. Über die Koordinaten des maximalen Wertes im ausgewählten Koeffizientenbild kann gegebenenfalls die exakte Position der größten Übereinstimmung von Template und Querschnittsbild bestimmt werden.

Tabelle 14 zeigt die Indizes der von den verschiedenen Algorithmen für die einzelnen Aufnahmezeitpunkte und Querschnittsrichtungen ermittelten Bilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten. Die entsprechenden Querschnitts- bzw. Kantenbilder können in Anhang A.7 eingesehen werden.

		Indizes mit größter Templateähnlichkeit				
		pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
$T_h$ 160	$t_1$	160 (0)	160 (0)	160 (0)	160 (0)	160 (0)
	$t_2$	160 (0)	159 (1)	158 (2)	158 (2)	158 (2)
	$t_3$	160 (1)	161 (0)	161 (0)	199 (38)	159 (2)
$T_v$ 69	$t_1$	68 (1)	69 (0)	69 (0)	69 (0)	69 (0)
	$t_2$	66 (1)	67 (0)	54 (13)	67 (0)	68 (1)
	$t_3$	50 (16)	66 (0)	53 (13)	75 (9)	66 (0)
$T_{vr}$ 84	$t_1$	41 (43)	84 (0)	43 (41)	84 (0)	84 (0)
	$t_2$	41 (44)	86 (1)	40 (45)	56 (29)	85 (0)
	$t_3$	40 (44)	85 (1)	44 (40)	85 (1)	83 (1)

**Tabelle 14:** Indizes der beim Matchen für die einzelnen Algorithmen, Templates und Bildserien ermittelten Querschnittsbilder mit größter Ähnlichkeit zum Template; Treffer sind grau hinterlegt

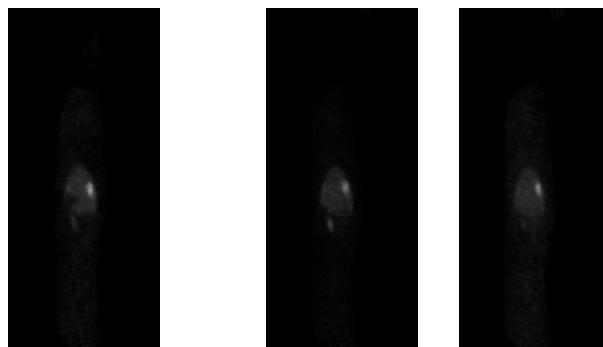
Für eine Bewertung dieser Indizes ist es notwendig, einen Referenzbereich festzulegen, innerhalb dessen die ermittelten Querschnittsbilder als korrekter Treffer oder Fehlschlag einzuordnen sind.

Hierfür erfolgt zunächst die subjektive Bestimmung der Querschnittsbilder mit größter Templateähnlichkeit zu allen Aufnahmezeitpunkten. Die Indizes dieser Bilder sind in der folgenden Tabelle dargestellt; die entsprechenden Abbildungen können in Tabelle 30 in Anhang A.7 eingesehen werden.

	Ähnlichste Querschnittsbilder (subjektiv)		
	horizontal	vertikal	vertikal rotiert
$t_1$	160 ( $T_h$ )	69 ( $T_v$ )	84 ( $T_{vr}$ )
$t_2$	160	67	85
$t_3$	161	66	84

**Tabelle 15:** Querschnittsbilder der einzelnen Bildserien mit der größten subjektiven Ähnlichkeit zum horizontalen, vertikalen und vertikal rotierten Template

Die subjektiv ermittelten Referenzwerte sind für eine Trefferentscheidung allein jedoch nicht ausreichend. Während für die Bilder des Aufnahmezeitpunktes  $t_1$  unumstritten die Templates als zu sich selbst am ähnlichsten eingestuft werden können, ist für die Bildserien der Zeitpunkte  $t_2$  und  $t_3$  die eindeutige Bestimmung lediglich eines Trefferbildes aufgrund der großen Ähnlichkeit benachbarter Querschnittsbilder nur schwer möglich.



**Abb. 3.11:** Links: vertikal rotiertes Template; mittig: Querschnittsbild 85  $t_2$ ; rechts: Querschnittsbild 86  $t_2$

Abbildung 3.11 verdeutlicht diese Problemstellung anhand zweier benachbarter vertikal rotierter Querschnittsbilder (Indizes 85 & 86) des Aufnahmezeitpunktes  $t_2$ .



In Anbetracht einer möglichen subjektiven Fehleinschätzung wird der Trefferkorridor für die Vergleichsergebnisse der Algorithmen für die Zeitpunkte  $t_2$  und  $t_3$  um  $\pm 2$  Bilder erweitert. Demzufolge sind beispielsweise beim vertikalen Matchvorgang zum Zeitpunkt  $t_3$  alle Bilder der Indizes 64 bis 68 als Treffer einzustufen. Die letztlich aufgrund dieser Vorgabe erzielten Treffer für alle Vergleichsvorgänge sind in Tabelle 14 grau hinterlegt; die Abweichungen der subjektiv ermittelten Bilder mit größter Templateähnlichkeit zu den durch die Algorithmen bestimmten Indizes sind in Klammern vermerkt. Kumuliert man die so ermittelte Trefferanzahl, erhält man folgende Gesamttrefferquoten für die verschiedenen Korrelationsverfahren:

	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Trefferquote	44,44%	100%	44,44%	66,67%	100%

**Tabelle 16:** Kumuliertes Trefferergebnis der einzelnen Algorithmen in %

Bei der näheren Betrachtung der Ergebnisse ist erkennbar, dass die einzelnen Algorithmen im Falle eines Treffers nicht exakt dieselben Querschnittsbilder für einen Matchvorgang detektieren, wie dies im Idealfall zu erwarten wäre. Es ist allerdings feststellbar, dass die ermittelten Trefferindizes nie mehr als zwei Bilder auseinander liegen. Die leichten Schwankungen im Ergebnis können mit den unterschiedlichen zum Bildvergleich genutzten Merkmalen und den verschiedenen zur Anwendung kommenden Berechnungsvorschriften erklärt werden. Eine exaktere Unterscheidung von Treffer und Fehlschlag ist aufgrund der zuvor beschriebenen großen Ähnlichkeit so nah beieinander liegender Querschnittsbilder jedoch nicht möglich.

Anhand der auf diesem Wege ermittelten Trefferquoten ist deutlich zu erkennen, dass die normierte pixelbasierte Kreuzkorrelation und die kantenlistenbasierte Differenz-Korrelation die besten Ergebnisse liefern. Sie weisen für die gesamte Testreihe keine Fehldetektion auf. Für die normierte kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation sind drei Fehler zu verzeichnen. Wie erwartet sind die Ergebnisse der beiden nicht normierten Verfahren (pxbKK, klbKK) deutlich schlechter.

Bevor die zweite Kenngröße, das PSNR, mit in die Betrachtungen einbezogen wird, sollen die anhand des maximalen Korrelationskoeffizienten gewonnenen Daten und Ergebnisse etwas detaillierter betrachtet werden.

Zunächst ist auffällig, dass die Matchergebnisse des vertikal rotierten Templates viel schlechter als die der anderen beiden Templates sind. Die Ursache hierfür liegt in der Bildinformation der Querschnittsbilder begründet. Während die horizontalen und vertikalen Bilder untereinander recht inhomogen sind, ist bei den vertikal rotierten Bildern eine Symmetrie von linker und rechter Körperhälfte feststellbar. Bei den falsch detektierten Bildern handelt es sich fast ausschließlich um zur anderen Körperhälfte gespiegelte Querschnittsbilder (Querschnittsindex 40+ anstelle 84, vgl. Anhang A.7).

Des Weiteren wurden bislang lediglich die absoluten Maximalwerte der Korrelationskoeffizienten für die Trefferermittlung zu Rate gezogen. Es wurde nicht berücksichtigt, ob es eventuell andere, lediglich geringfügig unter dem Maximum liegende Peaks und damit weitere Trefferkandidaten gibt.

Für eine diesbezügliche Analyse der Korrelationsergebnisse werden die maximalen Werte aller Koeffizientenbilder für jeden Matchvorgang in einem Diagramm dargestellt (vgl. Abb. 3.12, vgl. Anhang A.7). Für den direkten visuellen Vergleich der einzelnen Algorithmen erfolgt die Abbildung aller zu einem Matchvorgang gehörender Kurvenverläufe in demselben Diagramm.

Für die gemeinsame Darstellung ist zunächst eine Anpassung der unterschiedlichen Koeffizientenwertebereiche erforderlich (vgl. Kap. 2.2.4). Da prinzipiell nur die größten und somit positiven Koeffizienten dargestellt werden, entfällt eine gesonderte Betrachtung der negativen Koeffizienten, die bei Anwendung der klassischen und der normierten kantenlistenbasierten Kreuzkorrelation auftreten können. Während folglich die Werte der normierten Verfahren (pxbNKK, klbNKK) von vornherein zwischen 0 und 1 liegen, müssen die Koeffizienten der nicht normierten Algorithmen (pxbKK, klbKK, klbDKK) für eine Angleichung durch den jeweils größtmöglichen Korrelationskoeffizienten dividiert werden. Da große Teile des hier verwendeten PET-Bildmaterials schwarz sind und somit keinen Beitrag zum Wert des Korrelationskoeffizienten liefern, liegen die Koeffizientenbeträge nach der Division deutlich unterhalb  $10^{-3}$ . Damit sind sie immernoch ungeeignet für eine gemeinsame Darstellung mit den Ergebnissen der normierten Algorithmen, deren Werte sich über den gesamten Wertebereich  $[0, 1]$  erstrecken. Abhilfe schafft die Multiplikation mit einem Skalierungsfaktor. Als geeignet hat sich in dieser Anwendung der Faktor  $(2^b - 1)$  erwiesen ( $b = 8$ , vgl. Kap. 3.6.1.2).

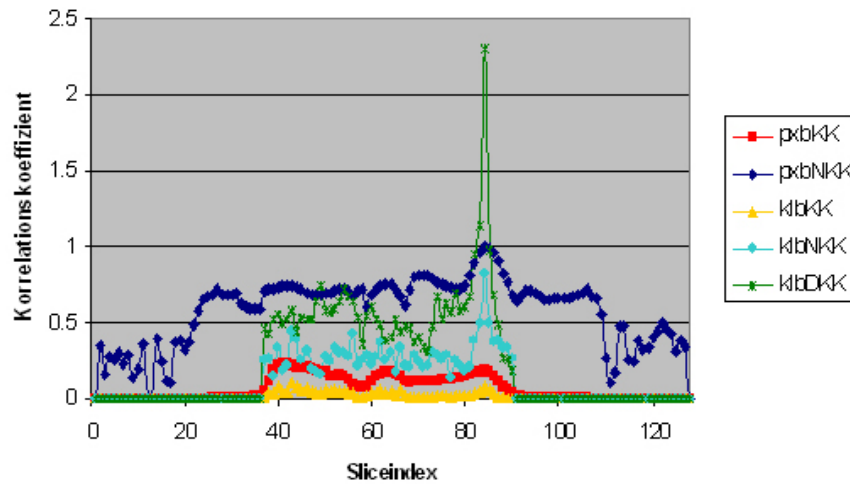
Die folgende Tabelle zeigt die aus Division und Multiplikation zusammengesetzten Faktoren für die Wertebereichsanpassung der Koeffizienten der einzelnen Algorithmen:

	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Faktor	$\frac{2^b-1}{(2^b-1)^2 \cdot X' \cdot Y'}$	1	$\frac{2^b-1}{(2^b-1)^2 \cdot N'^2}$	1	$\frac{2^b-1}{2 \cdot (2^b-1) \cdot N'^2}$

**Tabelle 17:** Faktoren für die Wertebereichsanpassung der Koeffizienten der einzelnen Algorithmen für ihre gemeinsame Darstellung in einem Diagramm

An dieser Stelle soll nochmals darauf hingewiesen werden, dass insbesondere die Korrelationskoeffizienten der normierten und der nicht normierten Algorithmen auch nach erfolgter Wertebereichsanpassung betragsmäßig nicht vergleichbar sind.

Das folgende Diagramm zeigt beispielhaft die skalierten maximalen Korrelationskoeffizienten aller Algorithmen beim Matchen des vertikal rotierten Templates  $T_{vr}$  (Index 84) mit den vertikal rotierten Querschnittsbildern zum Zeitpunkt  $t_1$  (vgl. Angang A.7).



**Abb. 3.12:** Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikal rotierten Querschnittsbilder beim Matchen mit Template  $T_{vr}$  zum Zeitpunkt  $t_1$

Die Indizes und Abbildungen der für diesen Matchvorgang durch die einzelnen Algorithmen ermittelten Querschnittsbilder mit der größten Ähnlichkeit zum Template

sind in der folgenden Tabelle dargestellt (vgl. Tabelle 14).

Algorithmus	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Querschnittsbild mit max. KorrKoeff.	41	84	43	84	

**Tabelle 18:** Bildindizes mit den höchsten Korrelationskoeffizienten des vertikal rotierten Matchvorgangs zum Zeitpunkt  $t_1$

Nimmt man, wie hier geschehen, ausschließlich das absolute Koeffizientenmaximum eines Matchvorgangs als Trefferkriterium zu Hilfe, erhält man für die einfache pixel- und kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation Fehldetektionen.

Da die Suche korrespondierender Querschnittsbilder auf dem Wissen beruht, dass das jeweilige Trefferbild infolge einer leicht veränderten Positionierung bzw. Haltung des Patienten zu den unterschiedlichen Aufnahmezeitpunkten lediglich um etliche Querschnittsbilder zum ursprünglichen Templateindex versetzt liegen kann, ist die Beschränkung des Suchraums auf wenige Bilder möglich. Durch eine sinnvolle Eingrenzung der möglichen Trefferregion können die Vergleichsergebnisse der bislang „schlechten“ Algorithmen eventuell verbessert und zugleich die zum Matchen erforderliche Rechenzeit erheblich gesenkt werden. Da der maximale Versatz des Patienten nach subjektiver Schätzung nicht mehr als  $\pm 5\text{cm}$  beträgt, kann der Suchkorridor gemäß der Ortsauflösung der PET-Bilder von  $5,3\text{mm}$  auf  $\pm 10$  Bilder um den Templateindex festgelegt werden.

Die Betrachtung der maximalen Koeffizienten des eingeschränkten Suchraums (Templateindex  $\pm 10$ ) lässt erkennen, dass es innerhalb dieser Region bei nahezu allen Matchvorgängen zur Ausbildung eines deutlichen Peaks kommt. Bezogen auf den gesamten Kurvenverlauf stellt dieser entweder selbst das globale Maximum dar (vgl. Ergebnisse ohne eingeschränkten Suchraum) oder er liegt als lokales Maximum an zweiter oder dritter Stelle dahinter (vgl. Tab. 19, Anhang A.7).

Die Peaks bzw. die höchsten Korrelationskoeffizienten kennzeichnen die von den einzelnen Algorithmen ermittelten Querschnittsbilder mit der größten Ähnlichkeit zu den Templates innerhalb der Suchregion. Die Indizes dieser Bilder sind für alle

Matchvorgänge in Tabelle 19 dargestellt.

		Indizes mit größter Templateähnlichkeit (eingeschränkte Suchregion)				
		pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
$T_h$ 160	$t_1$	160 (0) [1]	160 (0) [1]	160 (0) [1]	160 (0) [1]	160 (0) [1]
	$t_2$	160 (0) [1]	159 (1) [1]	158 (2) [1]	158 (2) [1]	158 (2) [1]
	$t_3$	160 (1) [1]	161 (0) [1]	161 (0) [1]	161 (0) [4]	159 (2) [1]
$T_v$ 69	$t_1$	68 (1) [1]	69 (0) [1]	69 (0) [1]	69 (0) [1]	69 (0) [1]
	$t_2$	66 (1) [1]	67 (0) [1]	67 (0) [3]	67 (0) [1]	68 (1) [1]
	$t_3$	65 (1) [2]	66 (0) [1]	66 (0) [2]	75 (9) [1]	66 (0) [1]
$T_{vr}$ 84	$t_1$	84 (0) [2]	84 (0) [1]	84 (0) [2]	84 (0) [1]	84 (0) [1]
	$t_2$	85 (0) [2]	86 (1) [1]	85 (0) [3]	85 (0) [2]	85 (0) [1]
	$t_3$	84 (0) [2]	85 (1) [1]	85 (1) [2]	85 (1) [1]	83 (1) [1]

**Tabelle 19:** Indizes der beim Matchen im eingeschränkten Suchraum für die einzelnen Algorithmen, Templates und Bildserien ermittelten Querschnittsbilder mit größter Ähnlichkeit zum Template

Als Treffer werden wiederum diejenigen Bilder bewertet, die in einem Bereich von  $\pm 2$  um die subjektiv ermittelten Referenztreffer liegen (vgl. Tabelle 15). Sie sind in Tabelle 19 grau hinterlegt. Die Abweichungen der subjektiven Referenzwerte von den durch die Algorithmen ermittelten Indizes mit größter Templateähnlichkeit stehen wiederum in runden Klammern; die Platzierung der Koeffizientenpeaks im Ranking mit den lokalen Maxima des gesamten Kurvenverlaufs ist in eckigen Klammern beigefügt.

Zunächst belegen diese Daten, dass es möglich ist, die Vergleichsergebnisse durch die kombinierte Auswertung eines lokalen Maximums und der möglichen Trefferregionen erheblich zu verbessern. Es ist deutlich zu erkennen, dass innerhalb der eingeschränkten Suchregion sämtliche Algorithmen bei fast allen Matchvorgängen exakte Vergleichsergebnisse liefern und somit für die Lösung dieser Aufgabe zum Einsatz kommen könnten.

Das vordergründige Ziel dieser Testreihe ist es jedoch, möglichst einen Algorithmus als Testsieger herauszustellen. Dessen Anwendbarkeit zur Lösung einer realistischen Problemstellung der Onkologie soll im Anschluss näher untersucht werden (vgl. Kap. 3.6.2). Deshalb ist es an dieser Stelle erforderlich, das PSNR als zweite Kenngröße in

die Betrachtungen mit einzubeziehen. Es wird für die mit Hilfe des maximalen Korrelationskoeffizienten ermittelten Trefferbilder im eingeschränkten Suchraum berechnet und gibt Auskunft darüber, wie deutlich sich der maximale Koeffizient von den anderen Werten des Koeffizientenbildes abhebt. Folglich gestattet es detailliertere Aussagen über die Qualität und die Zuverlässigkeit der Vergleichsergebnisse der einzelnen Algorithmen und ermöglicht eine bessere Bewertung ihrer Matchqualität (vgl. Kap. 2.2.5).

Im Gegensatz zum maximalen Korrelationskoeffizienten handelt es sich beim PSNR um eine quantitativ vergleichbare Kenngröße. Dies gilt allerdings nur unter der Voraussetzung, dass die der Berechnung zugrunde liegende Fläche der Koeffizientenbilder dieselbe Größe aufweist. Die vorangegangenen Ausführungen in Kapitel 3.6.1.3 haben jedoch gezeigt, dass die gematchte Fläche und die daraus resultierende Größe der Koeffizientenbilder aus Gründen der Rechenzeiterparnis bei den pixelbasierten Verfahren (129x129 bzw. 129x301) deutlich kleiner ausfällt als bei den kantenlistenbasierten Algorithmen (255x255 bzw. 155x597, vgl. Tabelle 13).

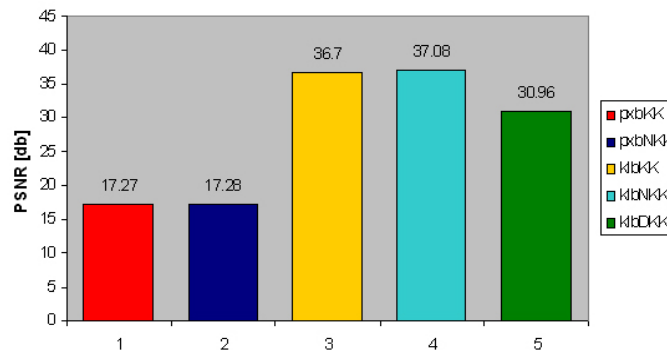
Die zusätzlichen Koeffizienten bzw. Bildpunkte der kantenlistenbasierten Verfahren sind darauf zurückzuführen, dass hier bis zur Überlappung von lediglich einem Randpixel gematcht wird. Da es in diesen Bereichen aufgrund des verwendeten Bildmaterials nicht mehr zur Überlagerung von Organ- oder Tumorkanten kommen kann, stellen die zusätzlichen Bildpunkte lediglich einen schwarzen Rahmen in den Koeffizientenbildern dar, der keine Informationen beinhaltet (Koeffizienten = 0). Die damit im Vergleich zu den pixelbasierten Verfahren deutlich größere dunkle Fläche senkt den mittleren Grauwert des Bildes und hebt damit das PSNR deutlich an (vgl. Abb. 3.14, Tabelle 20). Um dieses Problem zu beheben und das PSNR der Koeffizientenbilder aller Algorithmen direkt vergleichen zu können, wird der schwarze Rand in den Bildern der kantenlistenbasierten Verfahren entfernt. Im Ergebnis weisen die Koeffizientenbilder der pixel- und kantenlistenbasierten Verfahren dieselben Dimensionen auf.

Die folgende Tabelle zeigt das auf diesem Wege ermittelte PSNR für alle Koeffizientenbilder, die zuvor mit Hilfe des maximalen Korrelationskoeffizienten im eingeschränkten Suchraum als Treffer bestimmt wurden (vgl. Tabelle 19). Für die kantenlistenbasierten Verfahren ist das PSNR der Koeffizientenbilder in Originalgröße in Klammern vermerkt. Es ist erkennbar, dass diese Werte um ca. 5 bis 7 db nach oben verfälscht sind.

		PSNR der Trefferbilder (eingeschränkte Suchregion) [db]				
		pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
$T_h$ 160	$t_1$	19,67	19,63	38,85 (45,26)	39,08 (45,13)	34,44 (39,86)
	$t_2$	18,81	18,93	34,66 (40,86)	34,50 (40,76)	29,00 (34,51)
	$t_3$	18,85	18,88	35,38 (41,33)	34,90 (41,11)	27,93 (33,39)
$T_v$ 69	$t_1$	16,84	16,50	41,79 (48,95)	41,59 (48,34)	36,43 (42,15)
	$t_2$	14,40	14,14	37,53 (44,35)	35,45 (41,82)	31,01 (36,80)
	$t_3$	13,99	14,05	33,57 (42,35)	35,44 (36,96)	28,19 (35,54)
$T_{vr}$ 84	$t_1$	18,58	18,57	39,86 (46,86)	40,45 (46,86)	36,74 (42,41)
	$t_2$	16,92	17,25	33,96 (42,13)	35,75 (42,08)	28,30 (34,14)
	$t_3$	17,38	17,55	34,66 (43,28)	36,57 (42,57)	26,62 (32,40)

**Tabelle 20:** PSNR [db] der Koeffizientenbilder für alle im eingeschränkten Suchraum ermittelten Treffer; alle Matchvorgänge für alle Algorithmen

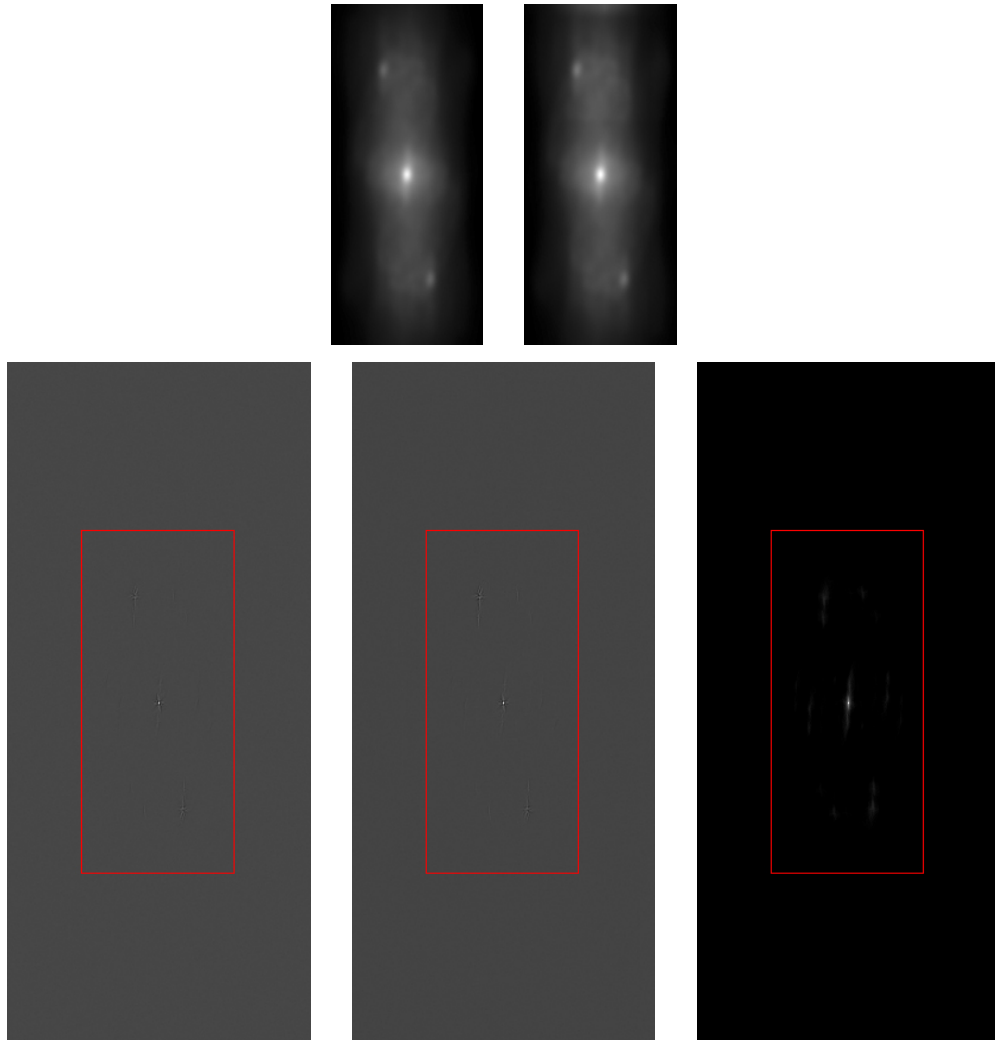
Abbildung 3.13 fasst diese Ergebnisse zusammen und zeigt das jeweils gemittelte PSNR der Trefferkoeffizientenbilder aller Matchvorgänge für die einzelnen Algorithmen.



**Abb. 3.13:** Gemitteltes PSNR [db] für die Trefferkoeffizientenbilder aller Matchvorgänge eines Algorithmus im eingeschränkten Suchraum

Sowohl das PSNR der klassischen und der normierten pixelbasierten als auch das der klassischen und der normierten kantenlistenbasierten Kreuzkorrelation unterscheiden sich nur um minimale Werte ( $\leq 1$  db). Die Differenz der pixelbasierten zu den beiden eben genannten kantenlistenbasierten Verfahren liegt im Durchschnitt bei 53,16%. Der gemittelte Abstand der pixelbasierten Verfahren zur kantenlistenbasierten Differenz-Korrelation beträgt 44,20%.

Das deutlich schlechtere PSNR der beiden pixelbasierten Algorithmen gegenüber allen kantenlistenbasierten Verfahren lässt sich anhand einiger beispielhaft gewählter Koeffizientenbilder und der zur Anwendung kommenden Berechnungsvorschrift für das PSNR erklären. Abbildung 3.14 zeigt zu diesem Zweck die Koeffizientenbilder aller Algorithmen beim Matchen des vertikalen Templates mit sich selbst. Die der Berechnung zugrunde liegende Fläche der kantenlistenbasierten Korrelationsergebnisse ist in den Koeffizientenbildern durch einen roten Rahmen gekennzeichnet. Die Berechnungsvorschrift des PSNR kann in Kapitel 2.2.5 nachgelesen werden.



**Abb. 3.14:** Koeffizientenbilder beim Matchen des  $T_v$  mit sich selbst; von links oben nach rechts unten: pxbKK, pxbNKK, klbKK, klbNKK, klbDKK



Die Koeffizientenbilder des pixelbasierten, flächenhaften Matchens des Templates mit sich selbst zeigen deutlich, dass es hierbei nicht zur Ausbildung eines klaren Peaks an der Stelle der exakten Überlappung von Template und Bild kommt. Vielmehr treten überall, wo sich die hellen Regionen der Bilder überschneiden, große Korrelationskoeffizienten auf. Diese verringern den Abstand des größten dieser Koeffizienten zum mittleren Grauwert des Bildes. Anders formuliert tragen die vielen hohen Korrelationskoeffizienten zum Bildrauschen bei und verringern letztlich das PSNR.

Das deutlich höhere PSNR aller kantenlistenbasierten Algorithmen ist darauf zurückzuführen, dass bei diesen Verfahren nicht flächenhaft, sondern konturbezogen gematcht wird. Da sich die Punkte zweier Kanten viel seltener als die Punkte zweier Flächen überlappen, gibt es in den Koeffizientenbildern der kantenlistenbasierten Verfahren insgesamt weniger hohe Korrelationskoeffizienten. Damit heben sich die wenigen hohen Koeffizienten deutlich vom sehr geringen mittleren Grauwert des Bildes ab und bewirken ein hohes PSNR.

Zu klären ist nun noch die Fragestellung, weshalb die Werte des PSNR bei Anwendung der Differenz-Korrelation im Vergleich zu den anderen kantenlistenbasierten Verfahren um ca. 6 db niedriger sind. Zunächst könnte man vermuten, dass es bei Anwendung der klassischen und der normierten kantenlistenbasierten Kreuzkorrelation zur Ausprägung eines deutlicheren Peaks kommt. Das würde ein geringeres Bildrauschen und folglich ein höheres PSNR nach sich ziehen. Die genauere Betrachtung der Berechnungsvorschriften der Korrelationsverfahren sowie der daraus resultierenden Koeffizientenbilder lassen jedoch auf eine andere Ursache schließen (vgl. Kap. 2.2.4).

Prinzipiell basiert die Berechnung der Koeffizienten bei den kantenlistenbasierten Verfahren auf den vorzeichenbehafteten Gradienten der einzelnen Bildpunkte. Während aufgrund einer Betragsbildung bei der Differenz-Korrelation die negativen in positive Differenzwerte überführt werden und somit alle Koeffizienten größer oder gleich Null sind, können infolge der Multiplikation der Gradientenwerte bei der klassischen und der normierten kantenlistenbasierten Kreuzkorrelation auch negative Koeffizienten auftreten. Obwohl sie eine (negative) Korrelation signalisieren, führen diese Koeffizienten zu einer Absenkung des mittleren Grauwertes im Koeffizientenbild und resultieren in einem höheren PSNR.

Das Vorhandensein negativer Koeffizienten und deren Einfluss auf den mittleren Grauwert wird auch anhand der Koeffizientenbilder in Abbildung 3.14 deutlich. Im Ergebnis der Berechnung des PSNR erhält man bei Verwendung der in Atisa implementierten Filter Float-Werte (16 Bit, vorzeichenbehaftet). Zur Visualisierung als Bitmap werden diese in den Unsigned Character Datentyp (8 Bit, vorzeichenlos) umgewandelt. Dabei findet eine Skalierung aller Koeffizienten auf den Wertebereich des neuen Datentyps statt, so dass die zuvor negativen Koeffizienten schwarz, die größten Werte weiß und Koeffizienten nahe Null grau im Bild erscheinen. Aufgrund dieser Betrachtungen muss man das geringere PSNR der Differenz-Korrelation qualitativ ähnlich zu den höheren Werten der klassischen und normierten kantenlistenbasierten Verfahren einstufen.

Letzten Endes hat die Zuhilfenahme des PSNR als weitere Kenngröße gezeigt, dass die Anwendung der kantenlistenbasierten Verfahren zum Bildvergleich prinzipiell zur Ausprägung eines deutlicheren Peaks und damit zu einem eindeutigeren Vergleichsergebnis führt.

Wie bereits mehrfach erwähnt, besteht das Ziel der ersten Testreihe darin, einen Algorithmus als am besten geeignet für den automatisierten Vergleich von nuklearmedizinischen Bildern zu bestimmen. Bei der endgültigen Auswahlentscheidung werden alle bisher erzielten Ergebnisse sowie die Vorkenntnisse aus anderen Untersuchungen (vgl. Kap. 3.1) einbezogen:

	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Trefferquote ohne eingeschränkten Suchraum	--	++	--	-	++
Trefferquote mit eingeschränktem Suchraum	+	++	++	+	++
PSNR	--	--	++	++	++
Rechenzeit	--	--	++	+	++

**Tabelle 21:** Bewertung der einzelnen Kreuzkorrelationsverfahren beim Bildvergleich

Es ist deutlich zu erkennen, dass die Differenz-Korrelation bei allen hier zu Rate gezogenen Qualitätskriterien die besten Ergebnisse erzielt hat und folglich in der zweiten Testreihe (vgl. Kap. 3.6.2) zum Einsatz kommt.

## **Zusammenfassung**

Die gewonnen Testergebnisse zeigen, dass sowohl ein pixelbasiertes Verfahren (pxbNKK) als auch ein kantenlistenbasierter Algorithmus (klbDKK) fehlerfrei beim Vergleich der extrem verrauschten PET-Bilddaten in diesem Test arbeitet. Bei einer Einschränkung der Suchregion auf einen möglichen Trefferraum kann sogar für alle Algorithmen ein sehr gutes Ergebnis erzielt werden.

Neben der Erhöhung der Trefferraten führt die Beschränkung des Bildvergleichs auf eine zuvor festgelegte Trefferregionen zu einer deutlichen Verringerung des Rechenaufwands. Anstelle von 128 bzw. 299 müssen lediglich 21 Koeffizientenbilder pro Matchvorgang berechnet werden (Templateindex  $\pm 10$  Bilder). Für den praktischen Einsatz bei einer verwandten Problemstellung ist zudem die Beschneidung des Templates auf lediglich für den Bildvergleich relevante Informationen denkbar.

Da alle Algorithmen ähnlich gute Trefferquoten im eingeschränkten Suchraum erzielen, ist die Betrachtung des PSNR als weitere Kenngröße zum Bestimmen der Matchqualität erforderlich. Seine Werte zeigen deutlich die Überlegenheit der kantenlistenbasierten Verfahren gegenüber den pixelbasierten Algorithmen. Während es bei den zuletzt genannten nie zur Ausprägung eines eindeutigen Koeffizientenmaximums im Bild kommt, lassen die kantenlistenbasierten Verfahren deutlich die Position der größten Übereinstimmung von Template und Bild erkennen.

Als letzte Entscheidungsgröße dient die in dieser Arbeit nicht gesondert untersuchte Rechenzeit der verschiedenen Algorithmen. Da die kantenlistenbasierte Differenz-Korrelation der schnellste aller getesteten Algorithmen ist und auch bei Betrachtung der anderen Kenngrößen sehr gute Ergebnisse zeigt, geht er als bestes Verfahren aus dieser Testreihe hervor (vgl. Tabelle 21).

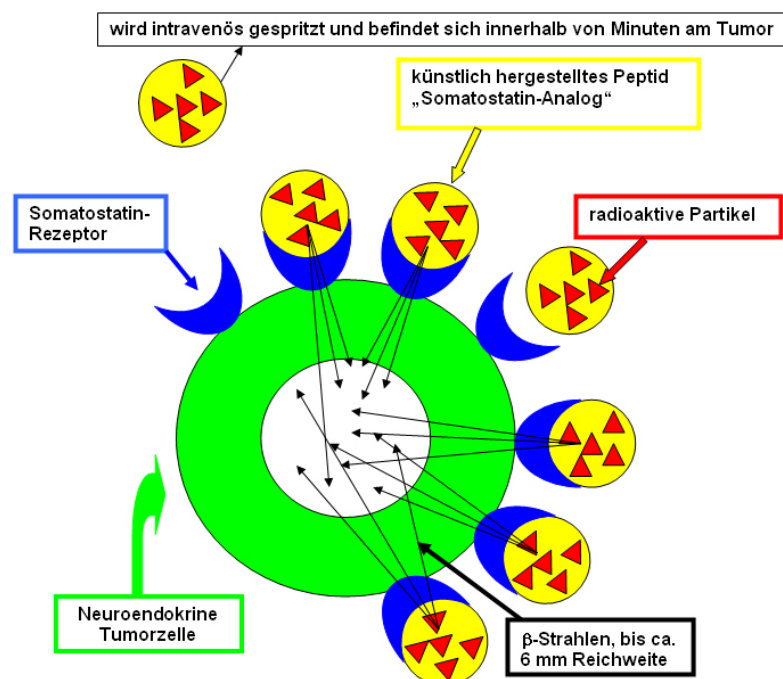
Abschließend muss darauf hingewiesen werden, dass die soeben vorgestellten Ergebnisse aufgrund der Verwendung lediglich eines Bilddatensatzes nicht repräsentativ sind. Vielmehr dienen die Untersuchungen als „Pretest“ für die zweite Testreihe. Dabei sollte die Anwendbarkeit der kantenlistenbasierten Korrelationsverfahren zum Vergleich nuklearmedizinischer Bilder überprüft und der beste aller Algorithmen ermittelt werden.

### 3.6.2 Szintigraphiebildbasierte Dosimetrieunterstützung

Nachdem die im vorangegangenen Kapitel beschriebenen Untersuchungen die Anwendbarkeit kantenlistenbasierter Kreuzkorrelationsverfahren zur automatisierten Suche korrespondierender Querschnittsbilder in PET-Bildserien belegt haben, soll nun der beste der getesteten Algorithmen bei der Lösung einer praxisrelevanten Aufgabenstellung erprobt werden.

#### 3.6.2.1 Das Verfahren und mögliche Anwendungsfelder

Einen aktuellen Forschungsschwerpunkt des PET-Zentrums der Zentralklinik Bad Berka stellt die Weiterentwicklung der Radiorezeptorthherapie zur Behandlung neuroendokriner Tumore dar (vgl. Kap. 2.1.3). Die folgende Abbildung veranschaulicht die Grundidee dieses Therapieverfahrens.



**Abb. 3.15:** Wirkungsprinzip der Radiorezeptorthherapie [WEHRMANN 2006]

Neuroendokrine Tumore können sich aus hormonproduzierenden (neuroendokrinen) Zellen im menschlichen Körper entwickeln. An der Oberfläche solcher Tumore befinden

sich in hoher Anzahl Rezeptoren, die das Hormon Somatostatin (SMS) wie ein Magnet anziehen. Ähnlich wie beim Prinzip der nuklearmedizinischen Bildgebung wird dem Patienten bei der Radiorezeptorthherapie eine radioaktiv markierte Substanz injiziert. Diese ähnelt dem Hormon Somatostatin in seiner chemischen Beschaffenheit derart, dass sie an den Rezeptoren am Tumor andocken kann. Auf diesem Wege gelangen die radioaktiven Elemente im Körper des Patienten gezielt an den Ort, wo sie zerfallen und durch die freigesetzte Betastrahlung den Tumor vernichten sollen. Die nicht an den Tumor gebundene Substanz wird über die Nieren ausgeschieden. Um mögliche Schädigungen der Nieren zu vermeiden, werden diese durch Aminosäure-Infusionen geschützt. Die gesamte Prozedur dauert in etwa 5 Tage und wird stationär durchgeführt [WEHRMANN 2006].

Um am Tumor die erforderliche Strahlungsstärke zu erzielen, muss die Dosierung der injizierten radioaktiven Substanz auf das Absorptionsverhalten des jeweiligen Organismus abgestimmt werden. Während manche Patienten nur sehr geringe Tracermengen im Körper und insbesondere am Tumor anreichern und stattdessen einen Großteil ohne Wirkung wieder ausscheiden, kann dieselbe Dosis bei einem anderen Patienten zur Überdosierung und damit zur Schädigung von gesundem Gewebe führen. Um dem vorzubeugen, ist im Vorfeld die Berechnung der mittleren absorbierten (Strahlen-) Dosis für relevante Organe, Tumore und den Ganzkörper jedes einzelnen Patienten erforderlich (Dosimetrie).

Bislang erfolgt die Dosimetrie anhand der größtenteils manuellen Auswertung einer Serie von Ganzkörperszintigraphiebildern, die im Vorfeld der Therapie gewonnen werden (vgl. Kap. 2.1.1.1). Hierbei bekommt der Patient eine vergleichbar geringe Dosis der SMS-ähnlichen, radioaktiv angereicherten Substanz injiziert. Die im Abstand weniger Stunden nach der Injektion erfassten Bilder geben Aufschluss über die Radioaktivitätsverteilung im Körper und damit über das Absorptionsverhalten eines Patienten.

Da die Konzentration des radioaktiven Elements unmittelbar nach der Injektion sehr hoch ist, erscheinen Organe und Tumore im ersten Bild großflächig und sehr hell. Je mehr Zeit bis zur Aufnahme des nächsten Bildes vergeht, desto geringer ist die Intensität der Strahlung infolge des natürlichen Zerfalls des radioaktiven Elements und

des Ausscheidens der Substanz über die Nieren. Folglich erscheinen dieselben Organe und Tumore in den Folgebildern zunehmend dunkler und kleiner (vgl. Abb. 3.16). Je geringer die vom Körper absorbierte Menge der radioaktiven Substanz ist, desto schneller geht dieser Prozess von statten. Die Veränderung von Größe und Helligkeit der abgebildeten Organe in den zeitlich versetzt aufgenommenen Bildern ist messbar durch die mittleren Grauwerte dieser Regionen. Letztlich liefert eine Auswertung dieser Daten Informationen über das Absorptionsverhalten des einzelnen Patienten und gestattet patientenspezifische Dosierungsvorgaben für die Radiorezeptortherapie.



**Abb. 3.16:** Szintigraphiebilder Patient 0004 posterior; von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion (vgl. Kap. 3.6.2.2, Anhang A.8)

Bevor der Einsatz der kantenlistenbasierten Differenz-Korrelation bei der automatischen Dosimetrieunterstützung untersucht wird, sollen die vier Teilschritte einer Dosimetrie benannt und näher erläutert werden [WEHRMANN 2005].

#### 1. Regions-Of-Interest-Analyse (ROI-Analyse)

In einem ersten Schritt werden die zur späteren Berechnung der absorbierten Strahlendosis verwendeten Regionen im Körper ausgewählt und markiert (ROIs). Dabei werden alle Szintigraphiebilder der verschiedenen Aufnahmezeitpunkte sowohl in der Vorder- (anterior) als auch in der Hinteransicht (posterior) berücksichtigt.

Als ROIs dienen:

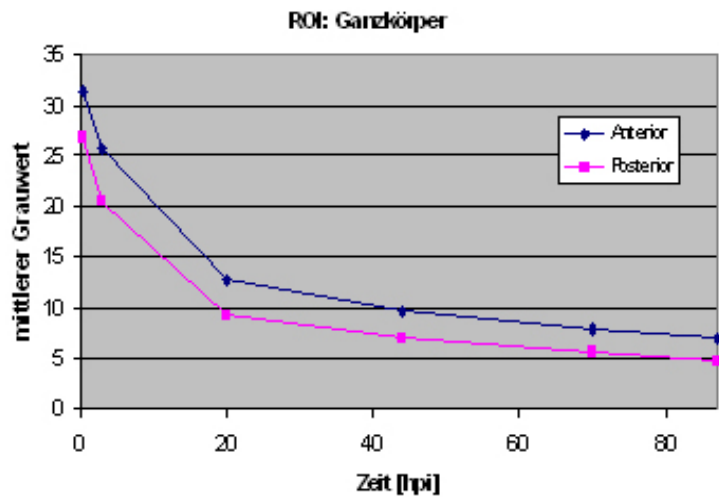
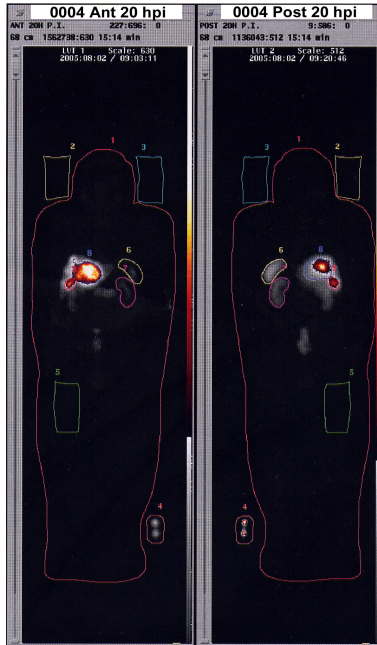
- alle Organe, wie Leber, Nieren, Milz, insofern sie deutlich abgrenzbar und nicht durch Tumore verdeckt sind,
- der gesamte Körper des Patienten,
- ein Ausschnitt von normalem Gewebe, beispielsweise im Oberschenkel,
- ein Ausschnitt des Bildhintergrundes (vgl. Ab. 3.17).

Die Markierung der ROIs und die damit einhergehende Generierung ihrer Masken erfolgt in den Bildern der Serie, welche die jeweilige Region am deutlichsten und in der größten Ausdehnung darstellen. So findet die Markierung der Nieren häufig in einer Posterior-Aufnahme, die unmittelbar nach der Tracerinjektion erfasst wurde, statt.

Entscheidend für eine korrekte Dosimetrieberechnung ist zum einen, dass die generierten Masken die abgebildeten Regionen sowohl in den Anterior- als auch in den Posterior-Bildern aller Aufnahmezeitpunkte vollständig überdecken. Zum anderen werden lediglich solche Regionen berücksichtigt, die deutlich abgrenzbar sind und nicht durch andere Organe oder Tumore überlagert werden. Sind einzelne ROIs sowohl posterior als auch anterior deutlich erkennbar, wird lediglich eine Maske erzeugt, die später horizontal gespiegelt zum Einsatz kommt.

Die auf diesem Wege erzeugten Masken werden manuell in allen Bildern an den Stellen der jeweiligen ROIs platziert, wobei die Regionen vollständig überlappt werden sollen. Anschließend werden die mittleren Grauwerte der von den einzelnen Masken überlagerten ROIs in allen Posterior- und Anterior-Bildern ermittelt und manuell in EXCEL-Tabellen übertragen. Im Ergebnis erhält man für jede ROI anterior und / oder posterior einen Kurvenverlauf, der ihre mittleren Grauwerte über die Zeit nach der Tracerinjektion darstellt.

Der gesamte Prozess der Maskengenerierung, -platzierung und Grauwertermittlung erfolgt bislang mit Hilfe der Software „HERMES Whole Body Display“. Der folgende Screenshot dieser Software zeigt den bereits in Abbildung 3.16 dargestellten Patienten anterior und posterior 20 Stunden nach der Tracerinjektion und alle manuell platzierten ROI-Masken. Daneben sind beispielhaft die mittleren Grauwerte der ROI „Patientenkörper“ in den Bildern aller Aufnahmezeitpunkte posterior und anterior dargestellt.



**Abb. 3.17:** Links: Screenshot „HERMES Whole Body Display“, Patient 0004, 20 Stunden nach Injektion, anterior und posterior, ROI-Masken; Rechts: mittlere Grauwerte aller Aufnahmezeitpunkte für ROI Ganzkörper, anterior und posterior; [hpi] - hours past injection

## 2. Bestimmen der Aktivitäten

Anschließend werden die ROI-Grauwerte der einzelnen Aufnahmezeitpunkte in Aktivitäten umgerechnet. Diese werden in Megabecquerel [ $MBq$ ], der Einheit der Radioaktivität, erfasst und geben Auskunft über die Menge des zerfallenden radioaktiven Elements pro Zeiteinheit. Für die Ermittlung der Aktivitäten wird für alle Aufnahmezeitpunkte der einfache Mittelwert des Anterior- und Posterior-Grauwerts einer ROI gebildet (falls beides vorhanden). Dieser Arbeitsschritt erklärt das Bestreben, in den Anterior- und Posterior-Bildern horizontal gespiegelte Masken derselben Größe für ein und dieselbe ROI zu verwenden. Daneben geht die mit Hilfe der Computer- oder Magnet-Resonanz-Tomographie (MRT) ermittelte Organ- bzw. Körperdicke in die Berechnung der Aktivitäten ein. Im Ergebnis erhält man für jede ROI eine Aktivitätskurve in EXCEL [WEHRMANN 2005].



### 3. Ermitteln der Zeitaktivitätsfunktionen

Um letztlich die mittlere absorbierte Strahlendosis der Organe und des Tumors aus dem Aktivitätsverlauf ableiten zu können, ist die Approximation der Aktivitätskurven durch eine mathematische Funktion erforderlich. Gemäß dem typischen Kurvenverlauf beim radioaktiven Zerfallsprozess handelt es sich dabei meist um mono- oder bi-exponentielle Funktionen. Das Bestimmen dieser Funktionen erfolgt unter Verwendung der Software „ORIGIN PRO 7G“ [WEHRMANN 2005].

### 4. Ermitteln der mittleren absorbierten Dosis

Im letzten Schritt wird aus den Zeitaktivitätsfunktionen die effektive Halbwertszeit und die Verweildauer der radioaktiven Elemente in den Organen und im Tumor ermittelt. Mit Hilfe der Software „OLINDA/EXM“ wird aufgrund dieser Daten die mittlere absorbierte Strahlendosis abgeschätzt. Daraus kann später unter Berücksichtigung der Schwere der Tumorerkrankung eine wirksame Dosierung für die Radiorezeptorthherapie abgeleitet werden [WEHRMANN 2005].

Die vorangegangenen Ausführungen verdeutlichen, dass bislang keine einheitliche Software zur Bewältigung aller vier Teilaufgaben der Dosimetrie existiert. Vielmehr erfolgt ihre Berechnung unter Nutzung verschiedener Programme größtenteils per Hand und erfordert große Sorgfalt beim manuellen Erfassen, Kopieren und Konvertieren von Daten. Der erforderliche Zeitaufwand beträgt derzeit zwischen 3 und 4 Stunden, wobei der größte Anteil auf die ROI-Analyse entfällt. Das manuelle Platzieren und ggf. Spiegeln der ROI-Masken sowie das Kopieren der mittleren Grauwerte birgt zudem die Gefahr von Fehlern durch das Fachpersonal.

Zur Zeitersparnis sowie zum Vermeiden subjektiver Fehler ist eine Automatisierung der ROI-Analyse durch den Einsatz verschiedener Bildverarbeitungsoperationen denkbar. Die Zielstellung der folgenden Testreihe ist es, die Einsetzbarkeit der kantenlistenbasierten Differenzkorrelation (bester Algorithmus der ersten Testreihe, vgl. Kap. 3.6.1) zur automatischen Platzierung von ROI-Masken in allen Posterior- und Anterior-Bildern einer Bildserie zu untersuchen. Aufbauend auf diesen Ergebnissen könnte eine Software zur automatischen ROI-Analyse entwickelt werden.

### 3.6.2.2    Ausgangsmaterial

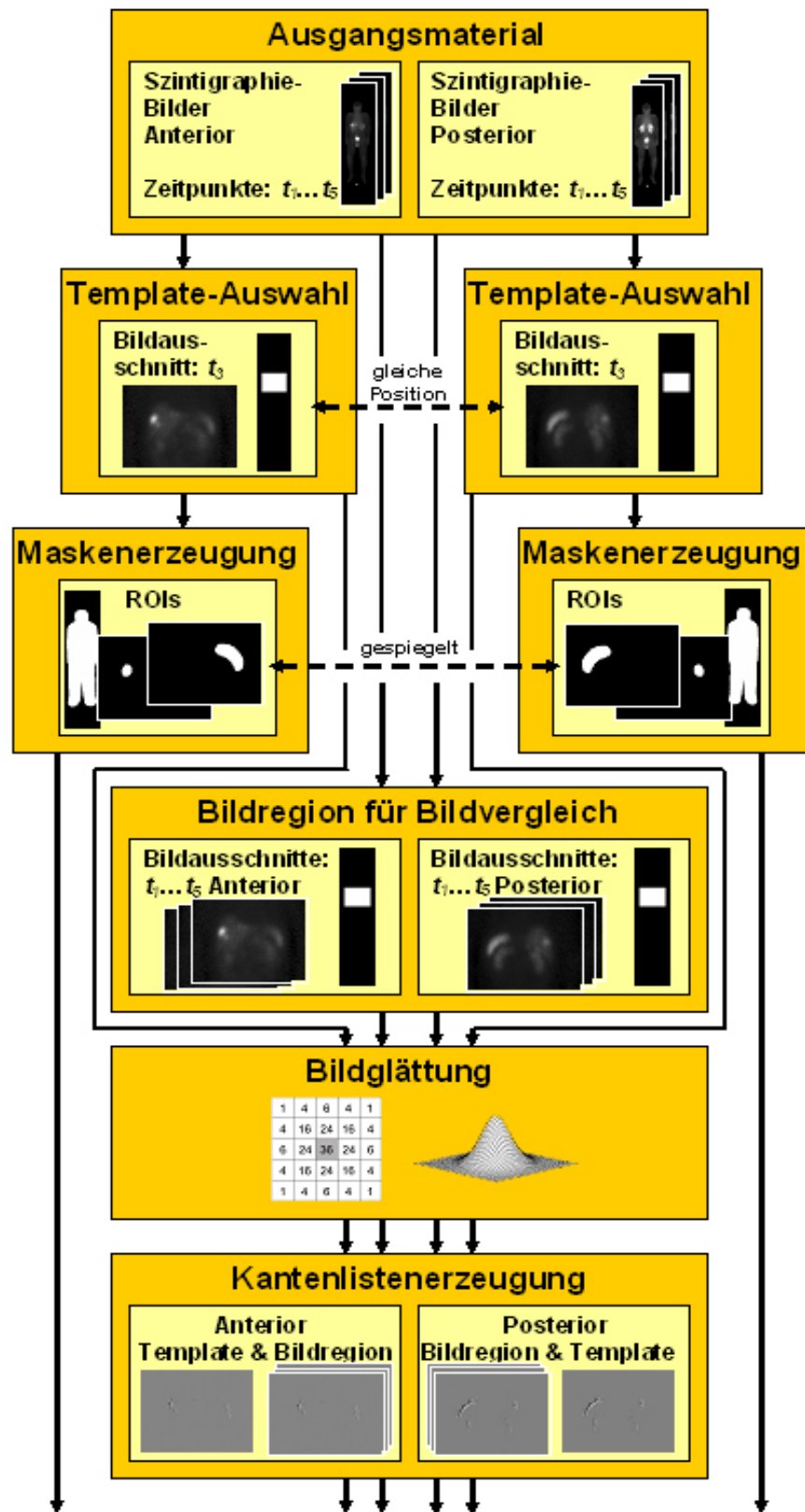
Als Bildmaterial dienen von der Zentralklinik Bad Berka bereitgestellte SMS-Szintigraphiebilder dreier anonymisierter Patienten, die im Folgenden mit 0002, 0003 und 0004 bezeichnet werden. Die im Interfile-Format gespeicherten Bilder (vgl. Kap. A.2) wurden zum Zweck der Berechnung einer Dosimetrie für die Radiorezeptortherapie aufgenommen. Das Bildmaterial einer Studie umfasst für jeden Patienten je 5 Anterior- und 5 Posterior-Bilder, die den Patienten 0,5 h, 2 h, 21,5 h, 45 h und 68 h nach der Tracerinjektion von vorn und hinten zeigen. Für Patient 0004 stehen je 6 Bilder zur Verfügung (0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach Tracerinjektion).

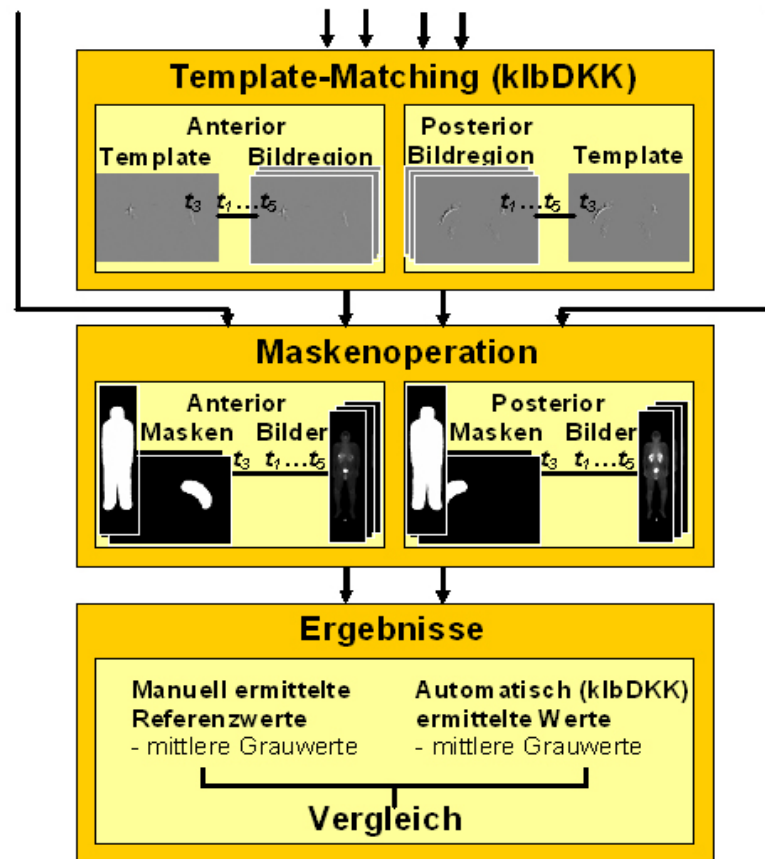
Jedes dieser Bilder besitzt eine Auflösung von 256x1024 Bildpunkten. Der physische Abstand innerhalb des Patienten zwischen den Zentren zweier benachbarter Pixel beträgt ca. 5 mm. Die Grauwertinformation jedes Bildpunktes ist mit einer Bittiefe von 16 Bit (Integer) gespeichert. Wie bereits in Kapitel 3.6.1.2 erwähnt kann ein Großteil der in Atisa implementierten und hier verwendeten Filter lediglich 8 Bit (Unsigned Character) Bilder verarbeiten, weshalb eine anfängliche Skalierung der Bilder erforderlich ist. Zu diesem Zweck wird jeweils der maximale Grauwert aller Anterior- und Posterior-Bilder einer Studie bestimmt. Diesem wird der maximal mögliche Wert des neuen Datentyps zugewiesen ( $2^8$ ). Die restlichen Grauwerte aller zugehörigen Bilder einer Studie werden dementsprechend skaliert. Durch diese Verfahrensweise wird sichergestellt, dass die anschließende Kantenextraktion, der Matchvorgang und die Maskenplatzierung fehlerfrei von statten gehen. Die Ermittlung der mittleren Grauwerte innerhalb der ROIs erfolgt zur Vermeidung von Ungenauigkeiten und Informationsverlusten wiederum in den 16 Bit Ausgangsbildern (vgl. Kap. 3.6.2.3).

Die Szintigraphiebilder weisen ebenso wie das zuvor betrachtete PET-Bildmaterial eine sehr schlechte Bildqualität auf. Die Ursachen für das starke Bildrauschen und die geringe Ortsauflösung liegen v.a. in der Aufnahmetechnik begründet. Die Anterior- und Posterior-Bilder aller Patienten können in Anhang A.8 eingesehen werden.

### 3.6.2.3    Durchführung

Die folgende Grafik fasst die Arbeitsschritte des Testablaufs zusammen.





**Abb. 3.18:** Automatisierte szintigraphiebildbasierte Dosimetrieunterstützung

Als erstes werden ein Anterior- und ein Posterior-Bild der Studie, in denen die inneren Organe des Patienten deutlich erkennbar sind, ausgewählt. In diesen Bildern wird an horizontal gespiegelten Positionen je ein Bildausschnitt als Template extrahiert. Darüber hinaus werden die Bilder zur Markierung der ROIs und darauf aufbauend zur Generierung der ROI-Masken verwendet. Für den späteren Bildvergleich wird auch in allen anderen Anterior- und Posterior-Bildern der Bildausschnitt mit den charakteristischen Bildinformationen extrahiert. Anschließend werden sowohl die beiden Templates als die damit zu vergleichenden Bildausschnitte der Studie mit einem Gaußfilter geglättet (vgl. Kap. 3.6.1.3).

Für den eigentlichen Matchvorgang ist die Extraktion der Kanten in den Templates und den Bildausschnitten erforderlich. Hierfür kommt der regelbasierte Gradienten-

tenalgorithmus zum Einsatz (vgl. Kap. 3.6.1.3). Im nächsten Schritt wird unter Anwendung der kantenlistenbasierten Differenz-Korrelation das Anterior-Template mit allen Anterior-, das Posterior-Template mit allen Posterior-Bildausschnitten der Studie gematcht (vgl. Kap. 2.2.4). Im Ergebnis erhält man nach einer Offsetkorrektur für jedes Szintigraphiebild die Position  $[x, y]$  mit der größten Übereinstimmung zum Template (größter Korrelationskoeffizient).

Relativ zur jeweiligen Positionen der größten Übereinstimmung werden abschließend die ROI-Masken automatisch in allen Bildern platziert und die mittleren Grauwerte innerhalb der ROIs ermittelt. Die auf diesem Wege gewonnenen Daten können mit den manuell ermittelten Referenzwerten der Zentralklinik Bad Berka verglichen werden.

Die praktische Umsetzung der gesamten Testreihe erfolgt unter Verwendung z.T. bereits vorhandener, z.T. selbst implementierter Filter und im Anschluss erstellter Atisa-Pipeline-Description-Dateien (vgl. Anlage CD/Quellcode/Pipelines). Eine nähere Erläuterung aller benannten Arbeitsschritte erfolgt im Anschluss.

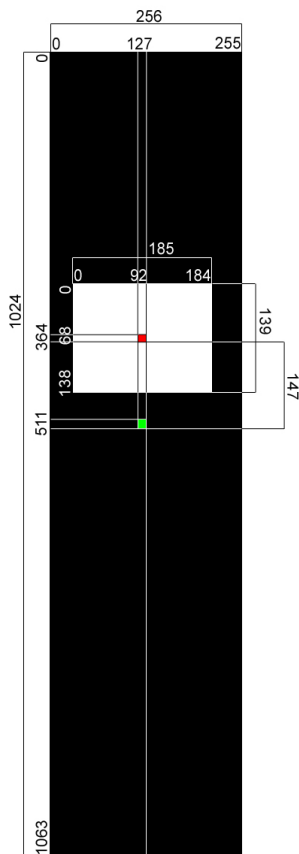
## **Templateauswahl**

Das Ziel dieser Testreihe ist es, die Einsetzbarkeit der kantenlistenbasierten Differenzkorrelation zur automatischen ROI-Maskenplatzierung in den Bildern einer Studie nachzuweisen bzw. zu widerlegen. Im Zuge der Durchführung dieser Untersuchungen werden im Hinblick auf die angestrebte Entwicklung einer ROI-Analyse-Software auch Überlegungen hinsichtlich der automatischen Auswahl und Extraktion des Templates angestellt.

Damit das Template (bzw. seine extrahierten Konturen) in den Bildern aller Aufnahmezeitpunkte gefunden werden kann, sollen die abgebildeten Organe, Tumore etc. sich weder zu stark (direkt nach der Tracerinjektion) noch zu schwach (lange Zeit nach der Tracerinjektion) vom Hintergrund abheben. Die Bilder, welche 20 bis 40 Stunden nach der Tracerinjektion erfasst worden sind, haben sich für die Templateextraktion als zweckmäßig erwiesen. Im Rahmen dieser Testreihe stammen die Anterior- und Posterior-Templates für die Patienten 0002 und 0003 aus den Bildern zum Zeitpunkt 21,5 h nach der Tracerinjektion, für Patient 0004 aus den Bildern 44 h nach der Tra-

cerinjektion. Die generelle Verwendung des dritten nach der Tracerinjektion erfassten Bildes zur Templateextraktion ist denkbar.

Da die relevanten, das Bild und den Patienten charakterisierenden Informationen im Wesentlichen im Bereich der inneren Organe im oberen Torso liegen, ist bei der Templateextrahierung eine Beschränkung auf diese Bildregion möglich. Infolge der ähnlichen Positionierung aller Patienten bei der Bilderfassung, kann ein fixes, im oberen Bereich des Bildes platziertes Fenster für die Templateextraktion verwendet werden. Der Einsatz von Ganzbildtemplates zum Bildvergleich könnte sich unter Umständen negativ auf das Matchergebnis auswirken, da die Körperhaltung und damit die Außenkontur des Patienten von Aufnahme zu Aufnahme verschieden sein kann.



**Abb. 3.19:** Templatemaske  
im Szintigraphiebild (ant.)

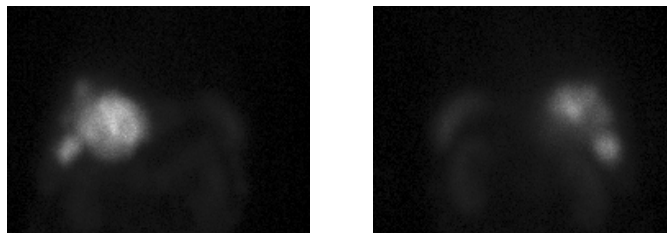
Die im Rahmen dieser Testreihe verwendeten Templates werden als rechteckiger Bildausschnitt der Größe  $185 \times 139$  Bildpunkte mit Hilfe einer Maskenoperation aus den Szintigraphiebildern extrahiert. Das zentrale Pixel des weißen Templateausschnitts (Templatemaske) mit den Koordinaten  $[92, 68]$  wird hierfür an der Position  $[127, 364]$  in den Szintigraphiebildern (hier schwarz dargestellt) platziert. Die weiß überlappten Bildpunkte zählen zum Template; die restlichen Bildpunkte werden „abgeschnitten“ (vgl. Abb. 3.20).

Da im Falle der Sichtbarkeit einer ROI sowohl in den Anterior- als auch in den Posterior-Bildern die gleiche, lediglich horizontal gespiegelte Maske zur Grauwertermittlung verwendet werden soll (vgl. Kap. 3.6.2.3), muss für die korrekte automatische Platzierung der ROI-Masken auch die Extraktion der beiden Templates vorn und hinten an horizontal gespiegelten Positionen erfolgen. Auf diesem Wege wird sichergestellt, dass sich die von vorn und hinten sichtbaren Organe beim Übereinanderlegen der gespiegelten Templates an exakt denselben Positionen befinden und gleichermaßen von den gespiegelten ROI-Masken überdeckt werden.

Eine sinnvolle Verfahrensweise wäre eine horizontal mittige Positionierung des Templateausschnitts in den Szintigraphiebildern. Da diese im Gegensatz zum Template jedoch eine geradzahlige Bildpunktanzahl in horizontaler Richtung besitzen, wird das zentrale Pixel des Templateausschnitts in den Anterior-Bildern wie bereits erwähnt im Bildpunkt [127,364], links von der tatsächlichen horizontalen Szintigraphiebildmitte positioniert.

Den vorangegangenen Ausführungen zufolge ergibt sich die Platzierung des zentralen Pixels vom Templateausschnitt in den Posterior-Bildern an der Stelle [128,364]. Indem auch die Dimension des Templates in horizontaler Richtung geradzahlig gewählt wird, kann dieser horizontale Versatz um einen Pixel vermieden werden.

Die folgende Abbildung zeigt beispielhaft das Anterior- und Posterior-Template für Patient 0004.



**Abb. 3.20:** Anterior- und Posterior-Templates Patient 0004; 44 h nach Tracerinjektion

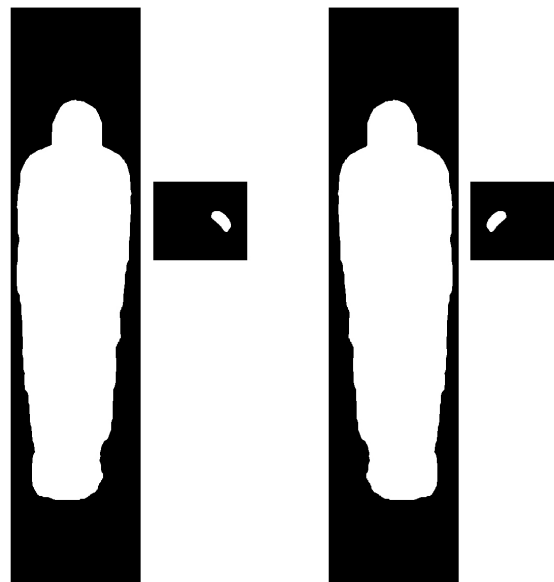
Die Generierung der Templatemaske erfolgt in Adobe Photoshop. Für die Maskenoperation zur Erzeugung der Templates kommt das MultiplyMaskFilter der Testsoftware Atisa zum Einsatz.

### ROI-Maskenerzeugung

Im nächsten Schritt wird aus den zuvor für die Templateextraktion ausgewählten Bildern für jede ROI eine Maske generiert, die später an der Stelle des Templates in den Szintigraphiebildern platziert werden soll. Hierfür wird erneut die Software Adobe Photoshop verwendet.

Befindet sich eine ROI innerhalb des Templatebildausschnitts, wird die Maske aus dem Template selbst mit einer Größe von  $185 \times 139$  Bildpunkten abgeleitet. Dies gilt für die meisten Organe, wie Nieren, Leber und Milz; häufig liegt auch der Tumor innerhalb dieser Region. Die Masken der anderen ROIs, also des Ganzkörpers, des Normalgewebes im Oberschenkel oder des Bildhintergrundes, werden ausgehend vom ursprünglichen Szintigraphiebild mit einer Größe von  $256 \times 1024$  Bildpunkten generiert. Dementsprechend kommen in der Testreihe ROI-Masken zweier verschiedener Größen zum Einsatz. In einer späteren Anwendung ist es möglich, ausschließlich Masken in Größe der Ausgangsbilder zu verwenden.

Für die Erzeugung der Masken werden die Umrisse der ROI im Bild nachgezeichnet. Alle Bildpunkte innerhalb der so gewonnenen Konturen werden weiß, der Hintergrund schwarz eingefärbt. Um sicherzustellen, dass die weißen Regionen die entsprechenden ROIs tatsächlich in allen Bildern der Studie vollständig überdecken, ist das Einzeichnen der Konturen „großzügig“ vorzunehmen. Mit Hilfe einer Tonwertkorrektur können der Kontrast im Bild erhöht und die schwachen Außenkonturen der ROIs besser sichtbar gemacht werden.



**Abb. 3.21:** Ganzkörpermaske, Milzmaske (links: anterior, rechts: posterior), Patient 0004



Generell soll im Ergebnis dieses Arbeitsschritts für jede ROI eine Maske existieren, mit Hilfe derer der mittlere Grauwert der entsprechenden Region in den Bildern aller Aufnahmezeitpunkte ermittelt werden kann. Ist eine ROI sowohl von vorn als auch von hinten sichtbar, basiert die Ermittlung ihrer Aktivität auf dem Mittelwert der Grauwerte des Anterior- und des Posterior-Bildes. Aus diesem Grund kommen in den Anterior- und Posterior-Bildern dieselben Masken, lediglich horizontal gespiegelt zum Einsatz (vgl. Ausführungen vorangegangenes Kap.). Die Erzeugung der Ausgangsmaske erfolgt in der Ansicht, welche die ROI am deutlichsten darstellt.

In manchen Fällen ist zusätzlich zur horizontalen Spiegelung der Maske ein manueller Versatz der weiß eingezeichneten ROI erforderlich. Dies gilt insbesondere für Tumore, die „schräg“ im Körper liegen und infolge dessen in den Anterior- und Posterior-Bildern leicht versetzt erscheinen.

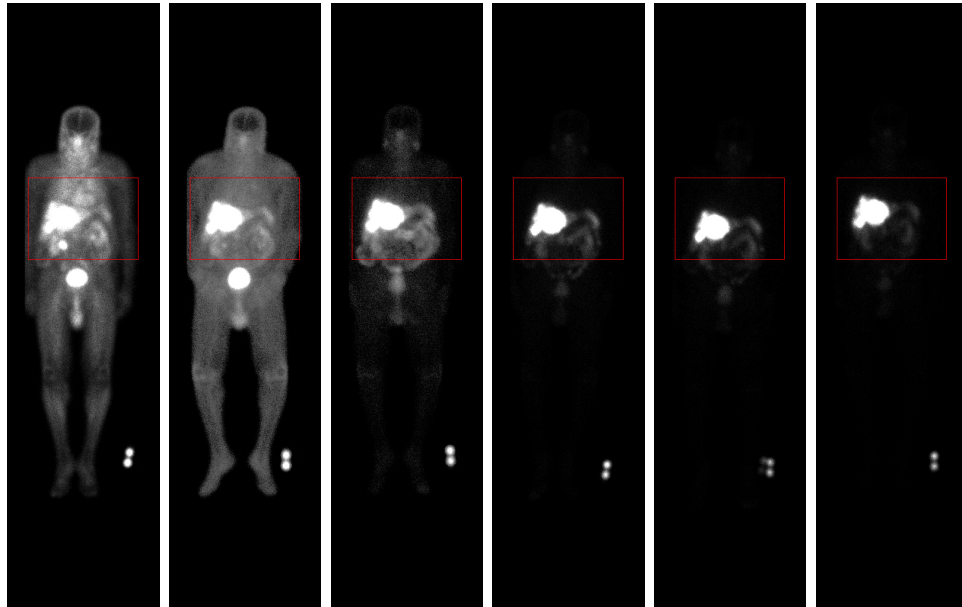
Alle zuvor benannten Arbeitsschritte können durch Standardmethoden und Operationen der Bildverarbeitung gelöst und in einem ROI-Analyse-Tool integriert werden.

### **Wahl des zu vergleichenden Bildausschnitts**

Bereits bei der Wahl des Templateausschnitts wird berücksichtigt, dass die den Patienten charakterisierenden inneren Organe im Bereich des oberen Torso in allen Bildern innerhalb desselben eingrenzbaren Bildausschnitts liegen. Folglich ist es möglich, diesen Bildausschnitt auch in den anderen, mit den Templates zu vergleichenden Szintigraphiebildern zu extrahieren und ihn anstelle der gesamten Bildinformation für den Matchvorgang zu verwenden.

Neben der erzielten Rechenzeiterparnis werden durch diese Verfahrensweise mögliche Fehldetektionen, insbesondere an den deutlichen Konturen der Blase in den Bildern unmittelbar nach der Tracerinjektion, von vornherein vermieden. Für das Ausschneiden der relevanten Bildregion kommt erneut die Anterior- bzw. Posterior-Templatemaske zum Einsatz; die Verfahrensweise ist dieselbe wie bei der Templateextraktion (vgl. Kap. 3.6.2.3).

Die folgende Abbildung zeigt beispielhaft alle Anterior-Aufnahmen von Patient 0004. Der zum Matchvorgang verwendete Bildausschnitt ist jeweils rot umrandet.

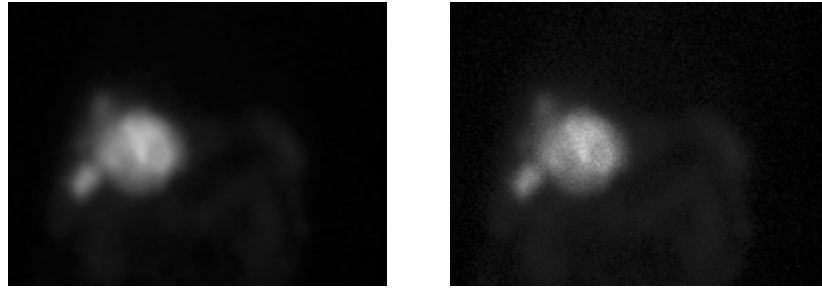


**Abb. 3.22:** Szintigraphiebilder Patient 0004 anterior; von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion; der extrahierte Bildausschnitt ist jeweils rot markiert

### Bildglättung

Zur Eindämmung des Bildrauschens erfolgt vor der Kantenextraktion die Glättung der Templates sowie aller Anterior- und Posterior-Bildausschnitte mit Hilfe eines  $5 \times 5$  Gaußfilters (vgl. Kap. 2.2.1). Hierfür kommt ebenso wie in der ersten Testreihe das `Ipl_ConvolutionFilter` der IPL-Bibliothek zum Einsatz.

Abbildung 3.23 zeigt das Anterior-Template von Patient 0004 vor und nach seiner Glättung. Es ist erkennbar, dass nach der Glättung deutlich weniger, durch Rauschen zufällig entstandene Hell-Dunkel-Unterschiede im Bild vorhanden sind. Dadurch kann eine Verbesserung der Vergleichsergebnisse erzielt werden.



**Abb. 3.23:** Template anterior Patient 0004; links: geglättet, rechts: ungeglättet

### Merkmalsextraktion

Da für die Positionsbestimmung der Templates in den Szintigraphiebildern die kantenlistenbasierte Differenz-Korrelation zum Einsatz kommen soll, muss zunächst die Extraktion der Kanten als bildbeschreibendes Merkmal erfolgen. Sowohl in den Templates als auch in allen Anterior- und Posterior-Bildausschnitten kommt hierfür der in Kapitel 2.2.2 beschriebene regelbasierte Gradientenalgorithmus zum Einsatz. Das entsprechende Filter in Atisa trägt die Bezeichnung `ScaleEdgeDetectVectorMatrix-List2Dim`.

Insbesondere in den Bildern, die mit großem zeitlichen Abstand zur Tracerinjektion erfasst wurden, sind der Kontrast sehr gering und die Konturen nur schwach ausgeprägt. Um dennoch eine ausreichende Kantenzahl für einen zuverlässigen Bildvergleich zu extrahieren, müssen die Parameter für den regelbasierten Gradientenalgorithmus entsprechend gewählt werden (vgl. Kap. 2.2.2).

Die folgenden Parameter haben sich für dieses Bildmaterial als brauchbar erwiesen:

- Schwelle des Gradientenfilters zur Detektion der Kantenanfangspunkte: 10,
- Schwelle und Länge des Binomial-Gradientenfilters zur Steuerung der Sensibilität des Algorithmus bei kleinen Kantenunterbrechungen: jeweils 1.

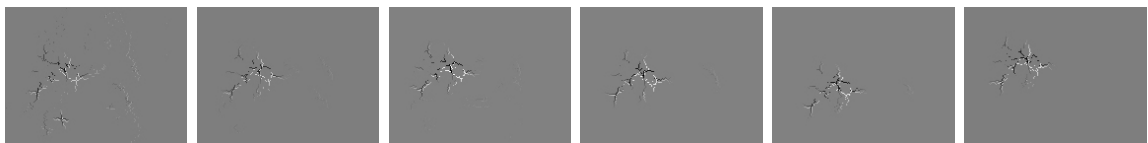
Der Einsatz des regelbasierten Gradientenalgorithmus mit diesen Parametern hat zur Extraktion folgender Kantenpunktzahlen in den Anterior- und Posterior-Templates der einzelnen Patienten geführt:

Patient	0002		0003		0004	
Template	ant	post	ant	post	ant	post
Kantenpunkte	228	482	224	286	505	498

**Tabelle 22:** Kantenpunktanzahlen für alle Anterior- und Posterior-Templates; Patienten 0002, 0003, 0004; Gradientenalgorithmusparameter: 10:1:1

Es ist erkennbar, dass die in den Templates extrahierte Kantenpunktanzahl im Vergleich zu ihrer Gesamtbildpunktzahl ( $185 \times 139 = 25715$ ) deutlich geringer ist. Erneut wird der enorme Geschwindigkeitsvorteil bei der Nutzung der kantenlistenbasierten Differenz-Korrelation anstelle eines pixelbasierten Verfahrens zum Bildvergleich deutlich.

Die folgende Abbildung zeigt beispielhaft die Kantenbilder der Anterior-Bildausschnitte von Patient 0004.



**Abb. 3.24:** Kantenbildausschnitte Patient 0004 anterior; von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion

### Templatematching

Nach der Kantenextraktion wird das Anterior-Template mit den Bildausschnitten aller Anterior-Bilder, das Posterior Template mit den Bildausschnitten aller Posterior-Bilder gematcht. Hierfür kommt die kantenlistenbasierte Differenz-Korrelation zur Anwendung. Gemäß den Ausführungen in Kapitel 3.6.1.3 wird das Template beginnend mit der Überschneidung der äußeren Randpixel bildpunktweise über den zu durchsuchenden Bildausschnitt geschoben. Die sich dabei überlappenden Kantenpunkte gehen gemäß der Berechnungsvorschrift in Kapitel 2.2.4 in die Ermittlung der Korrelationskoeffizienten ein und werden an der Stelle des zentralen Templatepixels ins Koeffizientenbild zurückgeschrieben.



Für die Ermittlung des Koordinatenoffsets wird beispielhaft die in obiger Abbildung dargestellte Position des zentralen Templatepixels zum Zeitpunkt der Templateextraktion (ohne jegliche Verschiebung) zu Hilfe genommen. Zu diesem Zeitpunkt befindet sich das zentrale Templatepixel im Koeffizientenbild an der Stelle [184, 137]; im unbeschnittenen Szintigraphiebild betragen die Koordinaten [127, 364]. Daraus ergibt sich für die Lokalisierung der Matchergebnisse in den Anterior-Bildern ein Offset von  $-57$  Px in x-Richtung und  $+227$  Px in y-Richtung; aufgrund des horizontalen Versatzes um einen Bildpunkt beträgt der Offset in den Posterior-Bildern lediglich  $-56$  Px in x-Richtung (vgl. Kap. 3.6.2.3).

### **ROI-Maskenoperation**

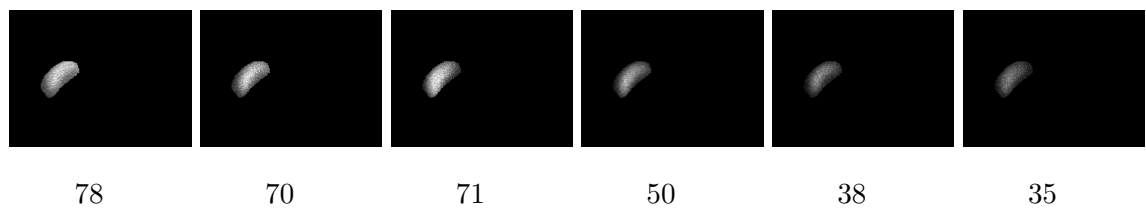
Nachdem die Templates mit den Anterior- und Posterior-Bildausschnitten gematcht, die Position ihrer größten Übereinstimmung mit Hilfe der höchsten Korrelationskoeffizienten ermittelt und die Koordinaten der maximalen Koeffizienten von den Koeffizientenbildern in die Szintigraphiebilder transformiert wurden, können die ROI-Masken platziert und die mittleren Grauwerte der Regionen ermittelt werden. Wie eingangs bereits erwähnt werden für diesen letzten Arbeitsschritt die ursprünglichen 16 Bit Szintigraphiebilder verwendet.

Bei der Platzierung der ROI-Masken muss berücksichtigt werden, ob sie die Größe des Templateausschnittes ( $185 \times 139$  Bildpunkte) oder des unbeschnittenen Szintigraphiebildes ( $256 \times 1024$  Bildpunkte) besitzen (vgl. Kap. 3.6.2.3). Im ersten Fall ist sowohl anterior als auch posterior die einfache Positionierung des zentralen ROI-Maskenpixels [92, 68] an der Stelle des maximalen Korrelationskoeffizienten im Szintigraphiebild möglich. Bei der Positionierung der Masken mit Szintigraphiebildgröße muss dagegen ein weiterer Offset berücksichtigt werden. Während die x-Koordinaten des zentralen Pixels von Template und ROI-Maske übereinstimmen, befindet sich die y-Koordinate der Maske um 147 Bildpunkte nach unten versetzt (vgl. Abb. 3.19). Demzufolge beträgt der Offset für die Maskenplatzierung 0 Px in x-Richtung und  $+147$  Px in y-Richtung (sowohl anterior als auch posterior).

Nach erfolgter Maskenplatzierung werden alle nicht von der Maske überdeckten Bildpunkte abgeschnitten; sollte die Maske über den Rand des Szintigraphiebildes hinaus-

ragen, werden die fehlenden Bildpunkte mit schwarz „aufgefüllt“. Die von den weißen Pixeln der Maske überlappten Bildpunkte der Szintigraphiebilder gehen anschließend in die Berechnung des mittleren Grauwertes der ROI ein. Die gesamte Prozedur erfolgt für alle Anterior- und Posterior-Szintigraphiebilder mit allen zugehörigen Masken.

Die folgende Abbildung zeigt beispielhaft die Ergebnisse der Maskenoperation bei Verwendung der Milzmaske in den Posterior-Bildern von Patient 0004.



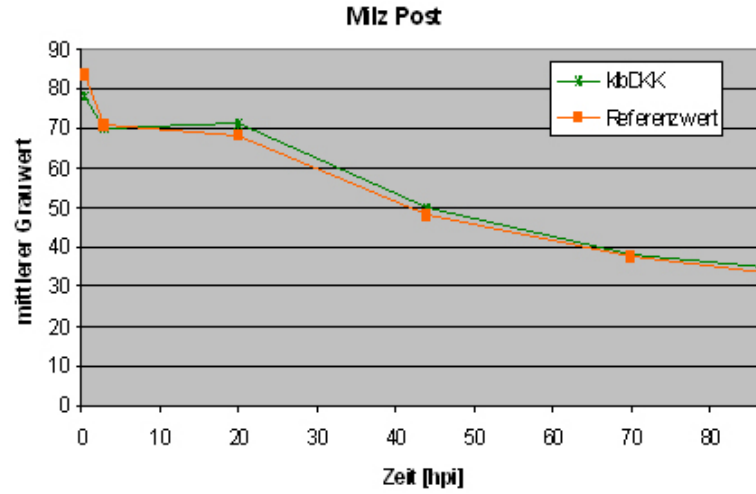
**Tabelle 23:** Ergebnisse der Maskenoperation & mittlere Grauwerte für ROI Milz Patient 0004 posterior, von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion

Die gesamte Maskenfunktionalität wird durch das `MultiplyMaskFilter` in `Atisa` bereitgestellt. Die Berechnung der mittleren Grauwerte erfolgt mit Hilfe des `MittlererGrauwertFilters`.

Im Ergebnis der Maskenoperation erhält man für jeden Patienten die mittleren Grauwerte aller ROIs der Anterior- und Posterior-Bilder aller Aufnahmezeitpunkte.

#### 3.6.2.4 Ergebnisse

Für die Bewertung der automatisch bestimmten ROI-Grauwerte werden die von der Zentralklinik Bad Berka manuell ermittelten Referenzwerte zu Hilfe genommen. Unter Verwendung von `Microsoft EXCEL` werden jeweils entsprechende Datensätze in einem Diagramm abgebildet und verglichen. Die folgende Abbildung zeigt beispielhaft die manuell und automatisch ermittelten Grauwerte der Milz von Patient 0004 in den Posterior-Bildern aller Aufnahmezeitpunkte (vgl. Abb. 3.6.2.3). Die entsprechenden Diagramme für alle Patienten und alle ROIs können in Anhang A.8 eingesehen werden.



**Abb. 3.26:** Mittlere Grauwerte der Milz durch automatische Maskenplatzierung (kldDKK) und manuell ermittelte Referenzwerte; Posterior; Patient 0004

Leichte Abweichungen der ermittelten Grauwerte können durch den Einsatz unterschiedlicher ROI-Masken erklärt werden, da diese nach subjektivem Ermessen in den Szintigraphiebildern eingezeichnet wurden. Dabei kommen zum einen abweichende Maskenformen und zum anderen unterschiedliche Maskengrößen zum Tragen. Daneben ist die subjektive Platzierung der Masken ein individuelles, mit Fehlern behaftetes Schätzverfahren. Folglich gibt es keine absoluten, unumstößlichen Referenzwerte. Dennoch sollten sich die Abweichungen der Datensätze innerhalb eines bestimmten Rahmens bewegen, sodass die im weiteren Verlauf der Dosimetrie ermittelten Funktionen zur Berechnung der absorbierten Strahlendosis annähernd identisch sind (vgl. Kap. 3.6.2.1). Als Kriterien zur Bewertung der Ähnlichkeit zweier Datensätze werden hier die Standardabweichung der Differenzen und die Korrelationskoeffizienten der Grauwerte einer ROI zu allen Aufnahmezeitpunkten betrachtet.

Die Ermittlung der Standardabweichung  $\sigma$  der Grauwertdifferenzen  $d$  einer ROI zu allen Aufnahmezeitpunkten  $z$  erfolgt gemäß folgender Berechnungsvorschrift [BOSCH 1996]:

$$\sigma_d = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^z (d_z - \bar{d})^2}{(z - 1)}} \quad (19)$$



Die Standardabweichung der Differenzen gibt Auskunft darüber, wie stark die einzelnen Grauwertdifferenzen zwischen den manuell und den automatisch ermittelten Grauwerten um ihren Mittelwert streuen. Je geringer diese Größe ist, desto ähnlicher sind sich die beiden Datenreihen.

Der Korrelationskoeffizient ist ebenfalls ein Maß für den Grad des linearen Zusammenhangs zwischen den manuell und automatisch ermittelten ROI-Grauwerten ( $gw^1, gw^2$ ). Je mehr sich der Koeffizient dem Wert 1 nähert, desto größer ist der Zusammenhang zwischen beiden Größen. Der Korrelationskoeffizient ist in der Statistik wie folgt definiert (vgl. Kap. 2.2.4) [BOSCH 1996]:

$$K(gw^1, gw^2) = \frac{\sum_{i=1}^z (gw_z^1 - \bar{gw}^1)(gw_z^2 - \bar{gw}^2)}{\sqrt{\sum_{i=1}^z (gw_z^1 - \bar{gw}^1)^2 \cdot \sum_{i=1}^z (gw_z^2 - \bar{gw}^2)^2}} \quad (20)$$

Eine Standardabweichung von 0 sowie ein Korrelationskoeffizient von 1 sind charakteristisch für die Analyse zweier identischer Datenreihen. Auch im Falle eines beliebigen Offsets aller Funktionswerte nach oben oder unten ist dieses Ergebnis gegeben. Ein derartiger Offset hat keinen Einfluss auf die Ermittlung der effektiven Halbwertszeit des radioaktiven Elementes im Patientenkörper und wirkt sich somit nicht auf das Ergebnis der späteren Dosimetrieberechnung aus.

Beide Kenngrößen sind für die Grauwerte aller ROIs und aller Patienten in Tabelle 24 zusammengefasst dargestellt. Existiert für eine ROI aufgrund ihrer schlechten Abgrenzbarkeit bzw. Sichtbarkeit in einer Anterior- oder Posterior-Ansicht keine Maske und damit auch kein Grauwert, ist dies in der Tabelle mit einem „-“ gekennzeichnet.

Die Ergebnisse sind mit Ausnahme zweier Datensätze als sehr gut einzuschätzen. Schließt man die beiden Ausreißer aus den Betrachtungen aus, ergibt sich eine mittlere Standardabweichung der Differenzen von 2,90; die Korrelationskoeffizienten liegen alle zwischen 0,98 und 1,00.

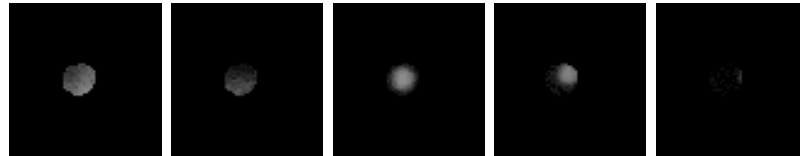
Patient	0002		0003		0004	
ROI / Kriterium	$\sigma_d$	$K$	$\sigma_d$	$K$	$\sigma_d$	$K$
Milz ant.	2,81	0,989	4,89	0,999	2,33	0,991
Milz post.	1,67	0,997	2,30	0,996	3,08	0,991
Niere links ant.	3,44	0,996	4,50	0,999	3,36	0,997
Niere links post.	2,78	0,999	1,93	0,999	1,43	0,999
Niere rechts ant.	-	-	-	-	-	-
Niere rechts post.	5,81	0,997	-	-	2,10	0,996
Tumor 1 ant.	1,26	0,999	18,75	0,589	6,89	0,999
Tumor 1 post.	2,41	0,996	-	-	3,41	0,991
Tumor 2 ant.	-	-	3,49	0,998	4,34	0,998
Tumor 2 post.	-	-	14,94	0,994	38,37	0,362
Ganzkörper ant.	0,92	0,999	0,48	0,999	0,39	0,999
Ganzkörper post.	0,98	0,999	0,25	0,999	0,44	0,999
Normalgewebe ant.	3,13	0,981	1,78	0,997	1,43	0,998
Normalgewebe post.	0,30	0,999	3,18	0,998	2,18	0,994

**Tabelle 24:** Standardabweichung der Differenzen und Korrelationskoeffizienten der manuell und automatisch ermittelten ROI-Grauwerte für alle Patienten

Von Interesse ist eine nähere Analyse der beiden Datensätze, die sich durch die deutlich schlechteren Korrelationsergebnisse von den anderen unterscheiden.

Im ersten Fall handelt es sich um die mittleren Grauwerte der ROI „Tumor 1“ von Patient 0003. Dieser Tumor ist nur in den Anterior-Bildern sichtbar und befindet sich im Kopf des Patienten (vgl. Darstellung in Anhang A.8). Der Ort des Tumors im Patientenkörper liefert zugleich die Erklärung für die Abweichungen der manuell und automatisch ermittelten Grauwerte. Die kantenlistenbasierte Differenz-Korrelation liefert im Ergebnis des Matchvorgangs den Ort der größten Übereinstimmung von dem im Template und im Bildausschnitt abgebildeten oberen Patiententorso (vgl. Kap. 3.6.2.3). Relativ zu dieser Position wird auch die Tumormaske platziert. Unberücksichtigt bleibt bei dieser Verfahrensweise, dass der Kopf eine eigene bewegliche Einheit

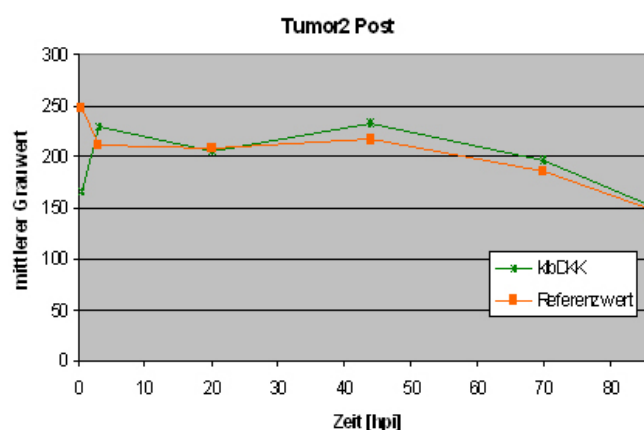
darstellt, deren Position sich unabhängig vom Patiententorso ändern kann. Da dieser Versatz nirgends erfasst und verrechnet wird, stimmen die Position von Maske und Tumor und folglich auch die ermittelten Grauwerte nicht zwangsläufig überein.



**Abb. 3.27:** Ergebnisse der Maskenoperation für Tumor 1 Patient 0003 anterior (Ausschnitt), von links nach rechts: 0,5 h, 2 h, 21,5 h, 45 h, 68 h nach der Tracerinjektion

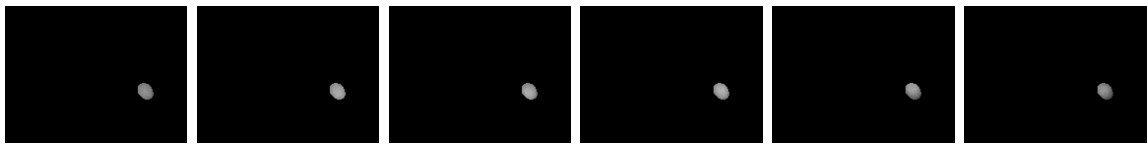
Dieses Problem, das bei allen ROIs in den Extremitäten und im Kopf auftreten kann, könnte eventuell durch den Einsatz eines weiteren Templates, das lediglich die ROI-Umgebung abbildet, behoben werden.

Bei dem zweiten Datensatz mit stark abweichenden manuell und automatisch ermittelten Grauwerten handelt es sich ebenfalls um einen Tumor. Dieser befindet sich jedoch im Torso des Patienten. Folglich kann die Ursache in diesem Fall lediglich bei der falschen Maskenplatzierung infolge eines Fehlers beim Bildvergleich oder aber bei der fehlerbehafteten Ermittlung der Referenzwerte liegen.



**Abb. 3.28:** Mittlere Grauwerte von Tumor 2 durch automatische Maskenplatzierung (klbDKK) und manuell ermittelte Referenzwerte; Posterior; Patient 0004

Wirft man einen Blick auf die grafische Darstellung der manuell und automatisch ermittelten ROI-Grauwerte der verschiedenen Aufnahmezeitpunkte, ist insbesondere der erste Wert unmittelbar nach der Tracerinjektion auffallend abweichend. Die in der folgenden Abbildung dargestellten Ergebnisse der Maskenoperation für diesen Tumor in allen Posterior-Bildern des Patienten zeigen jedoch keine Auffälligkeit für das erste oder eines der anderen Bilder.



**Abb. 3.29:** Ergebnisse der Maskenoperation für ROI Tumor 2 Patient 0004 posterior, von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion

Darüber hinaus wird der Platzierung aller Anterior- bzw. Posterior-ROI-Masken zu einem Aufnahmezeitpunkt dasselbe Korrelationsergebnis des Templates mit dem entsprechenden Bildausschnitt zugrunde gelegt. Auf den aktuellen Datensatz bezogen müssten demzufolge auch die Posterior-Grauwerte der anderen ROIs des Patienten 0004 zum Zeitpunkt 0,5 h nach der Tracerinjektion fehlerhaft sein. Da auch dies nicht der Fall ist, kann man die Abweichung bei Tumor 2 dem fehlerbehafteten Erfassen bzw. Kopieren eines manuell erfassten Referenzwertes zuschreiben.

Die Ergebnisse des Vergleichs der manuell und automatisch ermittelten ROI-Grauwerte sowie die Erläuterungen der Ursachen für die starken Abweichungen zweier Datensätze belegen die fehlerfreie Arbeit und damit Anwendbarkeit der kantenlistenbasierten Differenz-Korrelation zur automatischen Maskenplatzierung bei der ROI-Analyse. Damit können die sehr guten Vergleichsergebnisse der ersten Testreihe (vgl. Kap. 3.6.1.4) für diesen Algorithmus untermauert werden. Zur Bestätigung der hier getroffenen Aussagen ist die Durchführung der Arbeitsschritte 2 bis 4 einer vollständigen Dosimetrie anhand der automatisch ermittelten Grauwerte vorstellbar (vgl. Kap. 3.6.2.1). Die auf diesem Wege ermittelten Dosierungen könnten abschließend mit den manuellen Vorgaben verglichen werden. Leider liegen diese Daten zum Zeitpunkt der Fertigstellung dieser Arbeit noch nicht vor.

## 4 Zusammenfassung und Ausblick

### Zusammenfassung

Inhalt dieser Arbeit ist die Untersuchung ausgewählter pixel- und kantenlistenbasierter Kreuzkorrelationsverfahren beim automatischen nuklearmedizinischen Bildvergleich.

Ausgehend vom bisherigen Kenntnisstand über die Arbeitsweise der verschiedenen Korrelationsverfahren beim Matchen synthetischer und medizinischer Fundusbilder werden in einer ersten Testreihe Voruntersuchungen zur Anwendbarkeit dieser Algorithmen beim Vergleich natürlicher, stark verrauschter PET-Bilder durchgeführt. Dabei stehen die Algorithmen vor der Aufgabe, ein Templatebild, welches einer PET-Bildserie entnommen wird, sowohl innerhalb dieser Bildserie als auch in den Aufnahmen folgender Untersuchungszeitpunkte korrekt zu lokalisieren. Im Ergebnis sind Aussagen über die Zuverlässigkeit der einzelnen Korrelationsverfahren beim Matchen nuklearmedizinischer Bilder möglich. Von besonderem Interesse sind dabei die Ergebnisse der gegenüber Bildstörungen sehr empfindlichen, aufgrund der geringen Anzahl zu vergleichender Kanten jedoch deutlich schneller arbeitenden kantenlistenbasierten Algorithmen. Trotz der extrem schlechten Qualität der PET-Bilder arbeitet die kantenlistenbasierte Differenz-Korrelation als schnellster untersuchter Algorithmus fehlerfrei und erweist sich in diesem Test als bestes Verfahren.

Aufbauend auf diesen Ergebnissen wird die kantenlistebasierte Differenz-Korrelation in einer zweiten Testreihe zur Lösung einer praxisrelevanten Aufgabe der Onkologie eingesetzt. Im Mittelpunkt steht dabei die Ermittlung der patientenspezifischen Strahlendosis (Dosimetrie) zur Tumorbekämpfung bei der Radiorezeptorthherapie. Im Rahmen einer Dosimetrie müssen Masken verschiedener Körperregionen in zeitlich versetzt aufgenommenen Ganzkörperszintigraphiebildern eines Patienten platziert werden. Mit Hilfe dieser Masken kann die Veränderung der mittleren Grauwerte dieser Regionen über die Zeit und damit die Menge zerfallener radioaktiver Elemente im Patientenkörper ermittelt werden. Die bislang manuell ausgeführte Maskenplatzierung erfolgt in dieser Testreihe durch den Einsatz der kantenlistenbasierten Differenz-Korrelation. Die automatisch ermittelten Grauwerte werden mit den manuell bestimmten Refe-

renzwerten verglichen. Die dabei gewonnenen Ergebnisse bestätigen die Aussagen der ersten Testreihe und belegen die Einsetzbarkeit der kantenlistenbasierten Differenz-Korrelation zum Vergleich nuklearmedizinischer Bilder.

## Ausblick

Im Rahmen dieser Arbeit haben sich einige offene Fragestellungen und Ansätze für weiterführende Untersuchungen ergeben. Einige dieser Überlegungen sollen abschließend angeführt werden.

Da in der ersten Testreihe lediglich die Bilddaten eines Patienten betrachtet werden, sind die gewonnenen Ergebnisse nicht als repräsentativ zu betrachten. Vielmehr dient die Studie als Voruntersuchung für die zweite Testreihe. Dennoch ergibt sich aus der Suche korrespondierender Querschnittsbilder in PET-Bildserien möglicherweise ein weiteres Anwendungsfeld für kantenlistenbasierte Korrelationsalgorithmen in der medizinischen Bildverarbeitung; die Idee der automatischen Bestimmung von Tumorgrößenveränderungen wird in dieser Arbeit bereits vorgestellt. Vor diesem Hintergrund ist die Planung, Durchführung und Auswertung weiterer Tests mit dem PET-Bildmaterial einer größeren Patientenstichprobe denkbar. Dabei könnten zudem verschiedene Testparameter, wie der zum Matchen verwendete Templateausschnitt oder die Dimensionen des Glättungs- oder Kantenextraktionsfilters, variiert und optimiert werden.

Da die PET-Bilddaten einen dreidimensionalen Datensatz darstellen, ist auch eine Erweiterung der Kantenextraktion sowie der kantenlistenbasierten Kreuzkorrelationsverfahren auf den dreidimensionalen Merkmalsraum denkbar. Dadurch könnten unter Umständen exaktere Vergleichsergebnisse erzielt werden.

Aufbauend auf den Untersuchungen und Ergebnissen der zweiten Testreihe könnte die Entwicklung einer automatischen, auf der kantenlistenbasierten Differenz-Korrelation basierenden ROI-Analyse-Software initiiert werden. Bevor dieses Verfahren jedoch in der Praxis eingesetzt werden kann, sind weitere Untersuchungen anhand einer deutlich größeren Patientenstichprobe durchzuführen. In diesem Zusammenhang müssen verschiedene Parameter, wie die Größe und die Position des zu matchenden Template-

und Bildausschnitts oder die Dimensionen des eingesetzten Glättungs- und Kantenextraktionsfilters, näher untersucht werden. Daneben müssen in Zusammenarbeit mit dem Fachpersonal im Krankenhaus Entwürfe einer Benutzeroberfläche erstellt und getestet werden.

Eine weitere Aufgabenstellung, die sich aus der Problemstellung der ROI-Analyse ableiten lässt, ist die Entwicklung eines Verfahrens zur automatischen ROI-Maskengenerierung ohne manuelles Nachzeichnen der Organ-, Tumor- oder Körperkonturen.

## Abbildungsverzeichnis

2.1	Aufnahmeprinzip der Szintigraphie . . . . .	6
2.2	Szintigraphiebild, 00020007.i . . . . .	7
2.3	Aufnahmeprinzip der PET [RUHLMANN et al. 1998] . . . . .	8
2.4	Beispiel eines vertikalen PET-Schnittbildes . . . . .	9
2.5	ECAT-Scanner der Fa. Siemens, Erlangen [RUHLMANN et al. 1998] . . .	10
2.6	Testbild, 8 bit Graustufenbild, 4x4 Px (Pixel) . . . . .	16
2.7	Testbild mit Pixelindizes in x- und y-Richtung . . . . .	16
2.8	Eindimensionale verrauschte Grauwertkanten und ihre ersten und zwei- ten Ableitungen [JÄHNE 2005, S. 346] . . . . .	17
2.9	Testbild . . . . .	18
2.10	Kantenlisten, Schwelle 100 (oben), 200 (unten) . . . . .	18
3.1	Anzahl falsch detektierter Templates bei Verwendung verschiedener Kantenextraktionsverfahren in einer auf Fundusbildern basierenden Testreihe [MASCHOTTA et al. 2005b] . . . . .	33
3.2	Beispielhafte Darstellung einer Atisa-Pipeline . . . . .	39
3.3	Screenshot des Dicom Viewers SIENET Magic View 300 von Siemens; in dem horizontalen, vertikal rotierten und vertikalen Querschnittsbild (PET-CT-Fusion) ist die Kontur eines Tumors farbig markiert . . . . .	43
3.4	PET-Bildserie „Musterkind Felix“ mit einer Auflösung von 128x128x299 Bildpunkten; bei den eingezeichneten Querschnittsbildern handelt es sich um die später zum Einsatz kommenden Templates . . . . .	46
3.5	Automatisierte Suche korrespondierender Querschnittsbilder in PET- Bildserien . . . . .	47
3.6	Horizontales, vertikales und vertikal rotiertes Template (von links nach rechts) . . . . .	48
3.7	Vertikales Template, geglättet (links) und ungeglättet (rechts) . . . . .	49
3.8	Horizontales, vertikales und vertikal rotiertes Templatekantenbild nach Anwendung des regelbasierten Gradientenalgorithmus (von links nach rechts) . . . . .	50
3.9	Behandlung des Randproblems und Position des zentralen Pixels beim kantenlistenbasierten horizontalen Matching . . . . .	52



3.10	Behandlung des Randproblems und Position des zentralen Pixels beim pixelbasierten horizontalen Matching . . . . .	54
3.11	Links: vertikal rotiertes Template; mittig: Querschnittsbild 85 $t_2$ ; rechts: Querschnittsbild 86 $t_2$ . . . . .	57
3.12	Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikal rotierten Querschnittsbilder beim Matchen mit Template $T_{vr}$ zum Zeitpunkt $t_1$ .	60
3.13	Gemittelttes PSNR [db] für die Trefferkoeffizientenbilder aller Matchvorgänge eines Algorithmus im eingeschränkten Suchraum . . . . .	64
3.14	Koeffizientenbilder beim Matchen des $T_v$ mit sich selbst; von links oben nach rechts unten: pxbKK, pxbNKK, klbKK, klbNKK, klbDKK . . . .	65
3.15	Wirkungsprinzip der Radiorezeptorthherapie [WEHRMANN 2006] . . . .	69
3.16	Szintigraphiebilder Patient 0004 posterior; von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion (vgl. Kap. 3.6.2.2, Anhang A.8) . . . . .	71
3.17	Links: Screenshot „HERMES Whole Body Display“, Patient 0004, 20 Stunden nach Injektion, anterior und posterior, ROI-Masken; Rechts: mittlere Grauwerte aller Aufnahmezeitpunkte für ROI Ganzkörper, anterior und posterior; [hpi] - hours past injection . . . . .	73
3.18	Automatisierte szintigraphiebildbasierte Dosimetrieunterstützung . . .	77
3.19	Templatemaske im Szintigraphiebild (ant.) . . . . .	79
3.20	Anterior- und Posterior-Templates Patient 0004; 44 h nach Tracerinjektion	80
3.21	Ganzkörpermaske, Milzmaske (links: antrior, rechts: posterior), Patient 0004 . . . . .	81
3.22	Szintigraphiebilder Patient 0004 anterior; von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion; der extrahierte Bildausschnitt ist jeweils rot markiert . . . . .	83
3.23	Template anterior Patient 0004; links: geglättet, rechts: ungeglättet . .	84
3.24	Kantenbildausschnitte Patient 0004 anterior; von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion . . . . .	85
3.25	Matchen von Template und Bildausschnitt, anterior . . . . .	86
3.26	Mittlere Grauwerte der Milz durch automatische Maskenplatzierung (klbDKK) und manuell ermittelte Referenzwerte; Posterior; Patient 0004	89

3.27	Ergebnisse der Maskenoperation für Tumor 1 Patient 0003 anterior (Ausschnitt), von links nach rechts: 0,5 h, 2 h, 21,5 h, 45 h, 68 h nach der Tracerinjektion . . . . .	92
3.28	Mittlere Grauwerte von Tumor 2 durch automatische Maskenplatzierung (klbDKK) und manuell ermittelte Referenzwerte; Posterior; Patient 0004 . . . . .	92
3.29	Ergebnisse der Maskenoperation für ROI Tumor 2 Patient 0004 posterior, von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion . . . . .	93
A.1	Grundpfeiler des DICOM-Standards, in Anlehnung an [DICOM 2004] . . . . .	112
A.2	Prinzipieller Aufbau einer Dicom-Datei, in Anlehnung an [DICOM 2004] . . . . .	114
A.3	Screenshot ReadDicom-Dialog (Software Atisa, Kap. 3.2) . . . . .	117
A.4	Beispiel einer Interfile-Bilddatei (Szintigraphie, 00020007.i) . . . . .	121
A.5	ASCII-Tabelle . . . . .	122
A.6	Maske eines Mittelwertfilters der Größe $5 \times 5$ . . . . .	125
A.7	Maske eines Gaußfilters der Größe $5 \times 5$ . . . . .	126
A.8	Beispiel für ein Medianfilter . . . . .	127
A.9	Grauwertbild, Gradientenbild, Gradientenbetragsbild (von links nach rechts) . . . . .	129
A.10	Grauwertbild, Laplacebild, Binärbild (von links nach rechts) . . . . .	132
A.11	Horizontales Template $T_h$ , Querschnittsbild 160 zum Zeitpunkt $t_1$ , links: Graustufenbild (128 x 128 Px), rechts: Kantenbild (166 Kantenlisteneinträge) . . . . .	133
A.12	Vertikales Template $T_v$ , Querschnittsbild 69 zum Zeitpunkt $t_1$ , links: Graustufenbild (128 x 255 Px), rechts: Kantenbild (140 Kantenlisteneinträge) . . . . .	133
A.13	Rotiertes vertikales Template $T_{rv}$ , Querschnittsbild 84 zum Zeitpunkt $t_1$ , links: Graustufenbild (128 x 255 Px), rechts: Kantenbild (123 Kantenlisteneinträge) . . . . .	134
A.14	Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen horizontalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template $T_h$ zum Zeitpunkt $t_1$ . . . . .	136
A.15	Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen horizontalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template $T_h$ zum Zeitpunkt $t_2$ . . . . .	137
A.16	Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen horizontalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template $T_h$ zum Zeitpunkt $t_3$ . . . . .	138

A.17 Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template $T_v$ zum Zeitpunkt $t_1$ . . . .	139
A.18 Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template $T_v$ zum Zeitpunkt $t_2$ . . . .	140
A.19 Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template $T_v$ zum Zeitpunkt $t_3$ . . . .	141
A.20 Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikal rotierten Querschnittsbilder beim Matchen mit Template $T_{rv}$ zum Zeitpunkt $t_1$ .	142
A.21 Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikal rotierten Querschnittsbilder beim Matchen mit Template $T_{rv}$ zum Zeitpunkt $t_2$ .	143
A.22 Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikal rotierten Querschnittsbilder beim Matchen mit Template $T_{rv}$ zum Zeitpunkt $t_3$ .	144
A.23 Szintigraphiebilder Patient 0002 anterior; von links nach rechts: 0,5 h, 2 h, 21,5 h, 45 h, 68 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert . . . . .	145
A.24 Szintigraphiebilder Patient 0002 posterior; von links nach rechts: 0,5 h, 2 h, 21,5 h, 45 h, 68 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert . . . . .	145
A.25 Mittlere Grauwerte der Milz durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0002 . . . . .	146
A.26 Mittlere Grauwerte der linken Niere durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0002 . . . . .	147
A.27 Mittlere Grauwerte der rechten Niere durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; posterior; 0002 . . . . .	148
A.28 Mittlere Grauwerte des Tumors durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0002 . .	149
A.29 Mittlere Grauwerte des gesamten Körpers durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0002 . . . . .	150
A.30 Mittlere Grauwerte des Patientenoberschenkels durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0002 . . . . .	151

A.31 Szintigraphiebilder Patient 0003 anterior; von links nach rechts: 0,5 h, 2 h, 21,5 h, 45 h, 68 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert . . . . .	152
A.32 Szintigraphiebilder Patient 0003 posterior; von links nach rechts: 0,5 h, 2 h, 21,5 h, 45 h, 68 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert . . . . .	152
A.33 Mittlere Grauwerte der Milz durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0003 . . . . .	153
A.34 Mittlere Grauwerte der linken Niere durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0003 . . . . .	154
A.35 Mittlere Grauwerte des Tumors 1 durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior; 0003 . . . . .	155
A.36 Mittlere Grauwerte des Tumors 2 durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0003 . . . . .	156
A.37 Mittlere Grauwerte des gesamten Körpers durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0003 . . . . .	157
A.38 Mittlere Grauwerte des Patientenoberschenkels durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0003 . . . . .	158
A.39 Szintigraphiebilder Patient 0004 anterior; von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert . . . . .	159
A.40 Szintigraphiebilder Patient 0004 posterior; von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert . . . . .	159
A.41 Mittlere Grauwerte der Milz durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004 . . . . .	160
A.42 Mittlere Grauwerte der linken Niere durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004 . . . . .	161
A.43 Mittlere Grauwerte der rechten Niere durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; posterior; 0004 . . . . .	162

A.44 Mittlere Grauwerte des Tumors 1 durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004	163
A.45 Mittlere Grauwerte des Tumors 2 durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004	164
A.46 Mittlere Grauwerte des gesamten Körpers durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004 . . . . .	165
A.47 Mittlere Grauwerte des Patienten Oberschenkels durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004 . . . . .	166

## Tabellenverzeichnis

1	Medizinische Bildformate (Auszug) [SEIDEL 2003] . . . . .	11
2	Therapieverfahren in der Onkologie [ERBAR 1995, WEHRMANN 2006] .	12
3	Wesentliche Rauscharten in nuklearmedizinischen Bildern . . . . .	14
4	Grauwertvektor Testbild . . . . .	16
5	Sonstige Merkmale zum Bildvergleich [SANDER und WERNER 2005] . .	20
6	Klassifizierung der Matching-Verfahren entsprechend dem Abstraktionsgrad der zugrunde liegenden Bildinformation, in Anlehnung an [BALTSAVIAS 1999] . . . . .	21
7	Kreuzkorrelationsverfahren im Überblick [PIETRASZCZYK 2004] . . . .	25
8	Anhand künstlicher Testbilder untersuchte Kreuzkorrelationsalgorithmen; die im Zuge dieser Arbeit getesteten Algorithmen sind grau hinterlegt	34
9	Robustheit der verschiedenen Kreuzkorrelationsverfahren bei veränderten Bildparametern . . . . .	35
10	Pixel- und kantenlistenbasierte Kreuzkorrelationsalgorithmen sortiert nach Rechenzeit (beginnend mit dem schnellsten Algorithmus) . . . . .	37
11	Eigenschaften der pixel- und kantenlistenbasierten Kreuzkorrelationsalgorithmen beim Bildvergleich im Überblick . . . . .	38
12	Untersuchte Kreuzkorrelationsalgorithmen und ihre Bezeichner in Atisa	40
13	Dimensionen der Templates, Querschnittsbilder (mit und ohne Rahmen) und Koeffizientenbilder; Position des zentralen Pixels in den Templates	55
14	Indizes der beim Matchen für die einzelnen Algorithmen, Templates und Bildserien ermittelten Querschnittsbilder mit größter Ähnlichkeit zum Template; Treffer sind grau hinterlegt . . . . .	56
15	Querschnittsbilder der einzelnen Bildserien mit der größten subjektiven Ähnlichkeit zum horizontalen, vertikalen und vertikal rotierten Template	57
16	Kumuliertes Trefferergebnis der einzelnen Algorithmen in % . . . . .	58
17	Faktoren für die Wertebereichsanpassung der Koeffizienten der einzelnen Algorithmen für ihre gemeinsame Darstellung in einem Diagramm . . .	60
18	Bildindizes mit den höchsten Korrelationskoeffizienten des vertikal rotierten Matchvorgangs zum Zeitpunkt $t_1$ . . . . .	61

19	Indizes der beim Matchen im eingeschränkten Suchraum für die einzelnen Algorithmen, Templates und Bildserien ermittelten Querschnittsbilder mit größter Ähnlichkeit zum Template . . . . .	62
20	PSNR [db] der Koeffizientenbilder für alle im eingeschränkten Suchraum ermittelten Treffer; alle Matchvorgänge für alle Algorithmen . . . . .	64
21	Bewertung der einzelnen Kreuzkorrelationsverfahren beim Bildvergleich	67
22	Kantenpunktanzahlen für alle Anterior- und Posterior-Templates; Patienten 0002, 0003, 0004; Gradientenalgorithmusparameter: 10:1:1 . . . .	85
23	Ergebnisse der Maskenoperation & mittlere Grauwerte für ROI Milz Patient 0004 posterior, von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion . . . . .	88
24	Standardabweichung der Differenzen und Korrelationskoeffizienten der manuell und automatisch ermittelten ROI-Grauwerte für alle Patienten	91
25	Datensatz-Attribut: Patienten-Geburtstag . . . . .	115
26	Beispielhafter Aufbau einer DicomDir-Datei (links) und einer Dicom-Bild-Datei (rechts) . . . . .	116
27	Beispielhafter Aufbau einer Interfile-Header-Datei (00020007.a); die mit einem „!“ versehenen Attribute sind obligatorisch . . . . .	121
28	Grundlegende Gradienten-Operatoren und ihre Eigenschaften . . . . .	130
29	Grundlegende Laplace-Operatoren und ihre Eigenschaften . . . . .	132
30	Horizontale, vertikale und vertikal rotierte Bilder der einzelnen Aufnahmezeitpunkte mit der größten Ähnlichkeit zu den Templates . . . . .	135
31	Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_h, t_1$ ) . . . . .	136
32	Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_h, t_2$ ) . . . . .	137
33	Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_h, t_3$ ) . . . . .	138
34	Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_v, t_1$ ) . . . . .	139

35	Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild $(T_v, t_2)$ . . . . .	140
36	Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild $(T_v, t_3)$ . . . . .	141
37	Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild $(T_{rv}, t_1)$ . . . . .	142
38	Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild $(T_{rv}, t_2)$ . . . . .	143
39	Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild $(T_{rv}, t_3)$ . . . . .	144
40	Implementierte Filter (Atisa) . . . . .	169



## Abkürzungsverzeichnis

AAPM	American Association of Physicists in Medicine
ACR	American College of Radiology
ANSI	American National Standards Institute
Ant	Anterior (von vorn)
Atisa	Adaptive Time Series Analysis
BMTI	BioMedizinische Technik und Informatik
CEN TC251	Comité Européen de Normalisation - Technical Committee
CT	Computer-Tomographie
DEFF	Data Exchange File Format
DICOM	Digital Imaging and COmmunications in Medicine
Diff.	Differenz
DZ	DezimalZahl
ETH	Eidgenössische Technische Hochschule
GW	GrauWert
HL7	Health Level 7
hpi	hours past injection
HZ	HexadezimalZahl
IEEE	Institute of Electrical and Electronics Engineers
IMT	Institut für MedienTechnik
IOK	Informations-Objekt-Klasse
IP	Internet Protocol
IPL	Image Processing Library
JIRA	Japan Industries Association of RAdiological Systems
klbBKK	kantenlistenbasierte Binär-Kreuzkorrelation
klbDKK	kantenlistenbasierte Differenz-Korrelation
klbEKK	empirische kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation
klbKK	(klassische) kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation
klbNKK	normierte kantenlistenbasierte Kreuzkorrelation
Koeff.bild	Koeffizientenbild
Koord.	Koordinaten
KorrKoeff.	Korrelationskoeffizient
LoG	Laplace of Gaussian

Max.position	Maximumsposition
MBq	Megabecquerel
MRT	Magnet-Resonanz-Tomographie
NaI	Natrium-Iodid
NEMA	National Electrical Manufacturers Association
OpenCV	Open Source Computer Vision
OTW	Objekt Technologie Werkbank
PET	Positronen-Emissions-Tomographie
Post	Posterior (von hinten)
PSNR	Peak Signal to Noise Ratio
Px	Pixel
pxbEKK	empirische pixelbasierte Kreuzkorrelation
pxbKK	(klassische) pixelbasierte Kreuzkorrelation
pxbNKK	normierte pixelbasierte Kreuzkorrelation
SMS	SoMatoStatin
StdAbw.	Standardabweichung
TCP	Transmission Control Protocol
UML	Unified Modelling Language
VCL	Visual Component Library
WB	Wertebereich
Z	Zeichen
zentr. Px	zentrales Pixel

## Notation

$s$	Bildsignal
$s'$	Masken- bzw. Templatesignal
$\tilde{s}$	transformiertes Bildsignal, Filterergebnis
$x, y$	Position im Bild
$x', y'$	Position in der Maske bzw. im Template
$\tilde{x}, \tilde{y}$	Position im transformierten Bild, im Filterergebnis
$X, Y$	Breite, Höhe des Bildsignals
$X', Y'$	Breite, Höhe des Masken- bzw. Templatesignals; wobei $X' = 2i + 1$ und $Y' = 2j + 1$
$\tilde{X}, \tilde{Y}$	Breite, Höhe des transformierten Bildsignals, Filterergebnisses
$l$	Kantenliste Bildsignal
$l'$	Kantenliste Masken- bzw. Templatesignal
$n$	Kantenlistenindex Bildsignal
$n'$	Kantenlistenindex Masken- bzw. Templatesignal
$N$	Anzahl Kantenlisteneinträge Bildsignal
$N'$	Anzahl Kantenlisteneinträge Masken- bzw. Templatesignal
$f$	Funktionswert
$i, j$	Laufindizes
$H$	Histogramm
$G$	Gradientenbetrag
$\vec{\nabla}$	Nabla (Gradientenvektor)
$\partial$	Partial (Differential)
$\Delta$	Delta (Differenz)
$t$	Zeit
$S$	Schwelle
$K$	Korrelationskoeffizient
$T$	Template
$b$	Bittiefe
$q$	Quantenanzahl pro Flächen- und Zeiteinheit
$\sigma$	Standardabweichung
$d$	Weiterdifferenziert
$z$	Anzahl der Aufnahmezeitpunkte
$gw$	Grauwert

## Literatur

- [BALTSAVIAS 1999] BALTSAVIAS, E.P. (1999). *Matching-Verfahren*. ETH Zürich, <http://e-collection.ethbib.ethz.ch/show?type=lehr&nr=94>.
- [BOSCH 1996] BOSCH, K. (1996). *Grundzüge der Statistik*. Oldenbourg Verlag, München, 1. Auflage Aufl.
- [BRONSTEIN et al. 1997] BRONSTEIN, I. N., K. A. SEMENDJAJEW, G. MUSIOL und H. MÜHLIG (1997). *Taschenbuch der Mathematik*. Harry Deutsch, 3. Auflage Aufl.
- [BURKSCHAT et al. 2004] BURKSCHAT, M., E. CRAMER und U.KAMPS (2004). *Beschreibende Statistik*. Springer, Berlin, Heidelberg, 1. Auflage Aufl.
- [BUSCHMANN 2000] BUSCHMANN, F. (2000). *Pattern-orientierte Softwarearchitektur: ein Pattern-System*. Addison-Wesley, München, 1. Auflage Aufl.
- [DICOM 2004] DICOM (2004). *Standard for Digital Imaging and Communications in Medicine*. National Electrical Manufacturers Association, Virginia, USA.
- [ERBAR 1995] ERBAR, P. (1995). *Onkologie: Einführung in Pathophysiologie, Klinik und Therapie maligner Tumoren*. Schattauer, Stuttgart, 2. Auflage Aufl.
- [GOSCH et al. 2000] GOSCH, D., S. LIEBERENZ, J. PETZOLD, B.SATTLER und A. SEESE (2000). *Bilderzeugung und Bildbewertung in der Strahlenphysik*.
- [HANDELS 2000] HANDELS, H. (2000). *Medizinische Bildverarbeitung*. Teubner Stuttgart, Leipzig, 1. Auflage Aufl.
- [HEINRICHS 2000] HEINRICHS, U. (2000). *Rechnergestützte Positronen-Emissions-Tomographie*. Technischer Bericht, Forschungszentrum Jülich.
- [JÄHNE 2005] JÄHNE, B. (2005). *Digitale Bildverarbeitung*. Springer, Berlin, 6. Auflage Aufl.
- [KÄHLER 2004] KÄHLER, W.-M. (2004). *Statistische Datenanalyse*. Vieweg, Wiesbaden, 3. Auflage Aufl.
- [KLETTE und ZAMPERONI 1996] KLETTE, R. und P. ZAMPERONI (1996). *Handbook of image processing operators*. Wiley, Chichester, 1. Auflage Aufl.

- [LIBERTY 2000] LIBERTY, J. (2000). *C++ in 21 Tagen*. Markt & Technik, München, 3. Auflage Aufl.
- [MASCHOTTA et al. 2005a] MASCHOTTA, R., S. BOYMANN und U. HOPPE (2005a). *Regelbasierte Kantenerkennung zur schnellen kantenbasierten Segmentierung der Glottis in Hochgeschwindigkeitsvideos*. Bildverarbeitung für die Medizin 2005, S. 188–192.
- [MASCHOTTA et al. 2006] MASCHOTTA, R., S. BOYMANN und U. HOPPE (2006). *Comparison of Feature-List Cross-Correlation Algorithms with Common Cross-Correlation Algorithms*. EURASIP Journal on Applied Signal Processing.
- [MASCHOTTA et al. 2002] MASCHOTTA, R., S. BOYMANN und D. STEUER (2002). *Softwarearchitektur zur Implementierung adaptiv rekursiver Algorithmen für die Bildverarbeitung*. Bildverarbeitung für die Medizin 2002, S. 354–357.
- [MASCHOTTA et al. 2003] MASCHOTTA, R., S. BOYMANN, D. STEUER und M. PIETRASZCZYK (2003). *Vergleich kantenlistenbasierter Bildmatchingverfahren zur Bewegungskompensation von Fundusbildern*. BMT.
- [MASCHOTTA et al. 2004] MASCHOTTA, R., M. PIETRASZCZYK, S. BOYMANN und D. JANNEK (2004). *Genauigkeit und Generalisierbarkeit kantenlistenbasierter Korrelationsverfahren im Vergleich zu grauwertbasierten Verfahren*. Bildverarbeitung für die Medizin 2004, S. 110–114.
- [MASCHOTTA et al. 2005b] MASCHOTTA, R., J. REHS, S. BOYMANN und U. HOPPE (2005b). *Evaluation of feature extraction algorithms for the feature-list cross-correlation in retinal images*. EMBEC '05, 3rd European Medical and Biological Engineering Conference, Prague, Czech Republic, IFMBE proceedings, 11.
- [PIETRASZCZYK 2004] PIETRASZCZYK, M. (2004). *Vergleich kantenlistenbasierter Template-Matching-Verfahren*. Diplomarbeit, BMTI TU Ilmenau, Inv.Nr.: 2003-12-12/082/EI98/2222.
- [RUHLMANN et al. 1998] RUHLMANN, J., P. OEHR und H.-J. BIRSACK (1998). *PET in der Onkologie - Grundlagen und klinische Anwendungen*. Springer, Berlin Heidelberg, 1. Auflage Aufl.

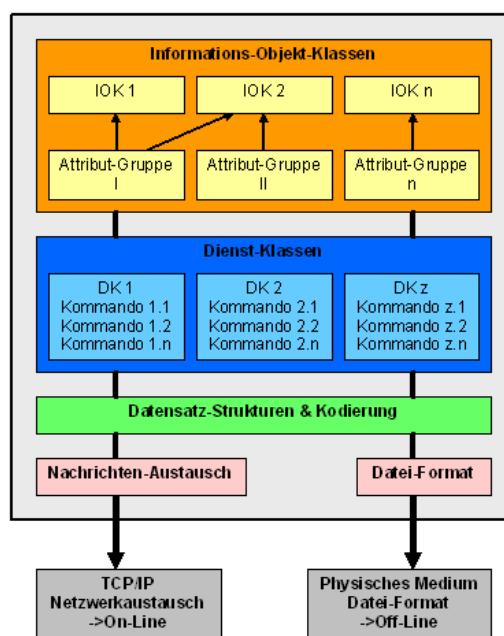
- [SANDER und WERNER 2005] SANDER, K. und S. WERNER (2005). *Untersuchung von Verfahren zur Farbbildindizierung mittels geometrischer und farblicher Merkmale*. Medienprojekt, TU Ilmenau.
- [SEIDEL 2003] SEIDEL, I. (2003). *Bildformat(e) in der Medizin*. Vortrag.
- [THIELEMANS et al. 2001] THIELEMANS, K., C. D. OLIVEIRA, D. BAILEY und D. HAGUE (2001). *A preliminary proposal for Interfile keys for PET*. <http://www.irsl.org/kris/petinterfile.html>.
- [TODD-POKROPEK et al. 1992] TODD-POKROPEK, A., T. CRADDUCK und F. DECONINCK (1992). *A file format for the exchange of nuclear medicine image data: a specification of Interfile version 3.3*. Nuclear Medicine Communications, 13(9), S. 673–699.
- [VERNON 1991] VERNON, D. (1991). *Machine Vision*. Prentice Hall International, Hempstead, 1. Auflage Aufl.
- [WEHRMANN 2005] WEHRMANN, C. (2005). *Workflow: individual patient dosimetry in radio peptide therapy*. Zentralklinik Bad Berka.
- [WEHRMANN 2006] WEHRMANN, C. (2006). *Radio-Rezeptor-Tumorthérapie*. Zentralklinik Bad Berka.
- [WILTGEN 1999] WILTGEN, M. (1999). *Digitale Bildverarbeitung in der Medizin*. Shaker, Aachen, 1. Auflage Aufl.

Nicht öffentlich zugängliche Literaturquellen können auf beigelegter CD im Verzeichnis Literatur eingesehen werden.

## A Anhang

### A.1 DICOM-Format

Der DICOM-Standard (Digital Imaging and Communications in Medicine) ist zurückzuführen auf die späten 70er und frühen 80er Jahre des 20. Jahrhunderts, als die bildgebende Diagnostik zunehmend an Bedeutung gewann. Das ACR (American College of Radiology) und die NEMA (National Electrical Manufacturers Association) sahen die Notwendigkeit, einen einheitlichen Standard zur Speicherung von medizinischen Bildern und entsprechenden Zusatzinformationen zu entwerfen. Zu diesem Zweck gründeten sie im Jahr 1983 ein Komitee und veröffentlichten bereits zwei Jahre später einen Standard namens ACR/NEMA 1.0. Unter der Aufsicht und dem Einfluss zahlreicher internationaler Gremien (CEN TC251, JIRA, IEEE, HL7 und ANSI) wurde dieser Standard in den kommenden Jahren erheblich weiterentwickelt und findet heute unter der Bezeichnung DICOM 3 weltweit Anwendung [SEIDEL 2003, DICOM 2004]. Die folgende Abbildung zeigt die Grundpfeiler des Standards.



**Abb. A.1:** Grundpfeiler des DICOM-Standards, in Anlehnung an [DICOM 2004]

Die wichtigsten Elemente sind Informations-Objekt-Klassen, die eine abstrakte Definition verschiedener instanzitierbarer Informations-Objekte darstellen. Jede dieser Klassen besitzt eine Beschreibung und ist durch eine Vielzahl von Attributen definiert. Die Attribute werden entsprechend ihrer Eigenschaften zu Attributgruppen zusammengefasst und können Informations-Objekten verschiedener Klassen angehören.

Um eine Klasse zu instanziiieren und ein Informations-Objekt zu erzeugen, müssen alle obligatorischen Attribute der Klasse mit Werten versehen werden; optionale Attribute können hingegen unbelegt bleiben. Informations-Objekt-Klassen sind beispielsweise das Bild mit Attributen wie Bittiefe, Bilddimensionen oder Grauwertinformationen oder der Patient mit Attributen wie Name, Alter oder Geschlecht.

Daneben existieren Dienst-Klassen, die Kommandos definieren und diese mit Informations-Objekt-Klassen verbinden. Ein Kommando stellt eine Aufforderung zum Operieren mit Informationen dar, gegebenenfalls auch über ein Netzwerk. Ein Beispiel für eine Dienst-Klasse ist die Speicher-Management-Dienst-Klasse. Sie beinhaltet Kommandos wie Schreiben, Lesen oder Löschen.

Das Vorhandensein von Diensten und Informations-Objekten ermöglicht den Einsatz des Dicom-Formats zur Speicherung sowie zur Übertragung von Bilddaten und zusätzlichen Verwaltungsinformationen. Um Dicom-Dateien universell schreib-, les- und konvertierbar zu machen, gibt es festgelegte Vorschriften für ihren Aufbau und ihre Kodierung.

Prinzipiell können zwei Formattypen unterschieden werden [DICOM 2004]:

#### 1. Das Nachrichten-Format

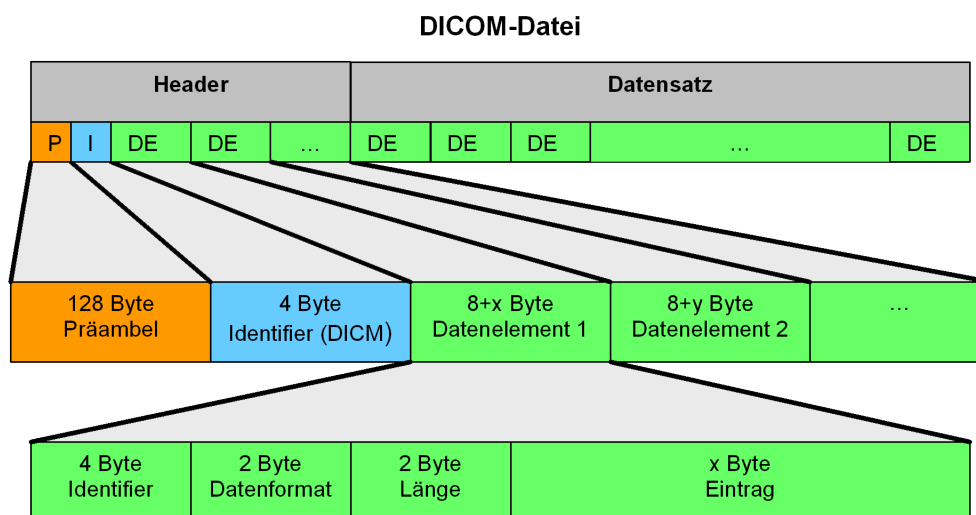
Nachrichten stellen die kleinsten Elemente des Nachrichten-Austausch-Protokolls zwischen kommunizierenden Dicom-Applikationen dar. Sie bestehen aus einer Abfolge von Kommandos (Kommandosatz) und einem optionalen Datensatz. Nachrichtendienste und ihre Kommandos sind in speziellen Dienst-Klassen-Spezifikationen für die Online-Kommunikation definiert.



## 2. Das Datei-Format

Das Datei-Format wird zur Speicherung von Dicom-Daten auf einem physischen Medium verwendet. Es setzt sich aus Header und Datensatz zusammen (Abb. A.1). Für den Speichervorgang stehen spezielle Speicher-Management-Dienste und -Kommandos zur Verfügung.

Da Nachrichten für diese Arbeit nicht von Bedeutung sind, findet keine weitere Betrachtung ihres Aufbaus oder ihrer Kodierung statt. Stattdessen wird das Datei-Format im Folgenden näher erläutert. Abbildung A.2 zeigt seinen prinzipiellen Aufbau.



**Abb. A.2:** Prinzipieller Aufbau einer Dicom-Datei, in Anlehnung an [DICOM 2004]

Wie bereits erwähnt besteht die binär gespeicherte Datei stets aus einem Header mit allgemeinen Verwaltungs- und Kodierungsinformationen und einem Datensatz mit inhaltlich relevanten Daten, wie z.B. dem Patientennamen oder den Bilddaten. Sowohl die Datenelemente des Headers als auch die des Datensatzes sind nichts anderes als die bereits benannten Attribute von Informations-Objekten [DICOM 2004].

Am Anfang des Headers befindet sich zunächst eine 128 Byte lange Präambel, die in der Regel mit Nullen gefüllt ist. Danach folgt ein 4 Byte langer Identifier „DICM“, der die Datei eindeutig als Dicom-Datei charakterisiert. Daneben beinhaltet der Header

prinzipiell ein Attribut, das angibt, welche Speicher-Dienst-Klasse und folglich welche Kommandos dem gesamten Datensatz zugeordnet sind (Media Storage SOP Class UID). Anders formuliert wird am Anfang einer jeden Datei festgelegt, wie die Daten dieser Datei entsprechend ihrer spezifischen Eigenschaften zu speichern sind. Beispielsweise gibt es eigene Speicher-Dienst-Klassen für die Speicherung von mikroskopischen Aufnahmen oder von Mammographiebildern [DICOM 2004].

Zu jedem Datenelement bzw. Attribut gehören ein eindeutiger Identifier, der Datentyp und die Länge des Attributeintrages. Diese Informationen sind dem Eintrag selbst stets vorangestellt, so dass einzelne Datenelemente in beliebiger Reihenfolge angeordnet werden, und falls sie optional sind, sogar weggelassen werden können (Abb. A.2) [DICOM 2004]. Zur Veranschaulichung folgt hier die detaillierte Beschreibung des Attributs „Patienten-Geburtstag“.

Identifier:	Datentyp:	Länge:	Eintrag:
0010 0030	Datum (DA)	8	19771111

**Tabelle 25:** Datensatz-Attribut: Patienten-Geburtstag

An erster Stelle steht der 4 Byte lange Identifier zur eindeutigen Kennzeichnung des Attributs. Der Identifier ist aus einer jeweils vierstelligen Attributgruppennummer und Attributnummer zusammengesetzt. Die Attributgruppennummer „0010“ fasst beispielsweise alle persönlichen Attribute des Patienten zusammen. Die Attributnummer kennzeichnet das Attribut an sich (0030: Patienten-Geburtstag).

Die folgenden 2 Byte dienen als Platzhalter für den Dicom-eigenen Datentyp des Attributeintrags. Dieser gibt zum einen Aufschluss über die Art des Attributs (z.B. Datum „DA“ oder Long String „LO“); zum anderen signalisiert er, ob der Attributeintrag als Zeichen, Dezimal- oder Hexadezimalzahl im Binärstrom kodiert ist. Diese Unterscheidung erlaubt eine optimierte Kodierung der einzelnen Einträge. So belegt der beispielhaft gewählte Ausdruck „76“ als Zeichen kodiert 2 Byte, je eins für „7“ und „6“; der Dezimalzahl 76 entspricht hingegen das Zeichen „L“, welches lediglich 1 Byte belegt (vgl. A.3 ASCII-Tabelle). Der Datentyp Datum aus obigem Beispiel wird als Zeichen kodiert.

Nach dem Datentyp folgen 2 weitere Byte, welche die Länge des Attributeintrags angeben. Bei einigen Datentypen mit unbestimmter Länge bleibt dieser Eintrag leer.

Der eigentliche Attributeintrag, der 8 Byte lange Patienten-Geburtsstag „19771111“, bildet den Abschluss des Datenelements. Ein umfassenderes Dateibeispiel mit mehreren Attributeinträgen ist am Ende dieses Kapitels zu finden.

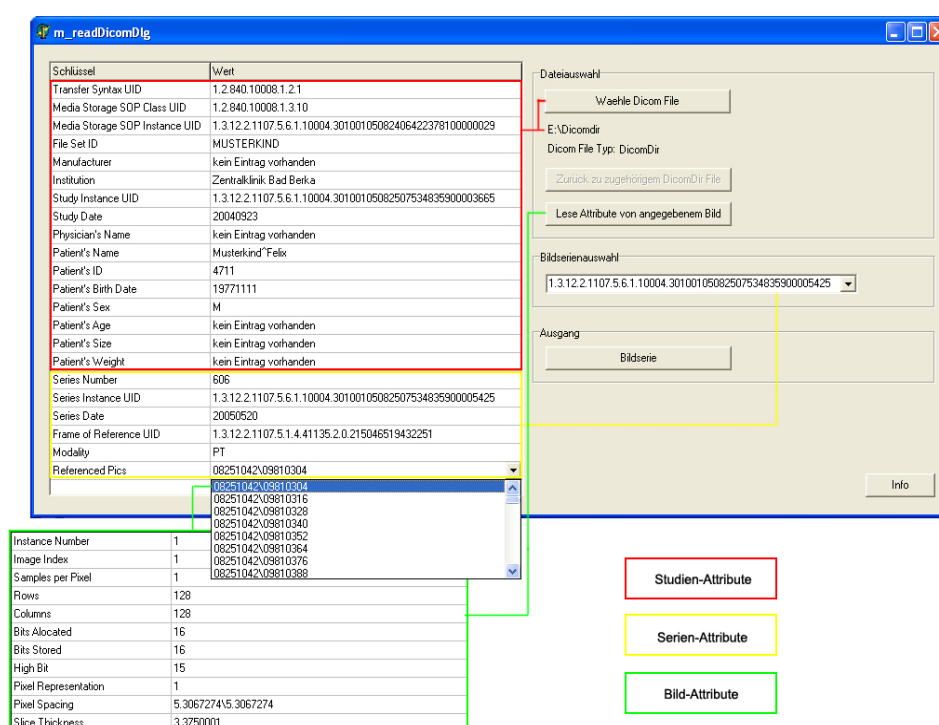
Abschließend soll gezeigt werden, wie die Daten einer komplexen Patientenstudie gespeichert und verwaltet werden können. Zu einer komplexen Studie gehören meist mehrere Bildserien, welche zu unterschiedlichen Zeitpunkten mit verschiedenen Bildgebungsverfahren (PET, CT u.s.w.) erfasst worden sein können. Damit eine solche Datenvielfalt zusammenhängend gehandhabt werden kann, sieht der Standard eine feinere Einteilung von Dicom-Dateien in eine verwaltende DicomDir-Datei (Dicom-Directory) und viele zu dieser DicomDir-Datei gehörende Dicom-Bild-Dateien vor.

Header	Header
Patienteninformationen	Patienteninformationen
Patientenname	Patientenname
...	...
Krankenhausinformationen	Krankenhausinformationen
Klinikname	Klinikname
...	...
...	...
Studieninformationen	Studieninformationen
Studien ID	Studien ID
Studiendatum	Studiendatum
Bildserie 1	Bildserie
Bildserien ID	Bildserien ID
Bildseriendatum	Bildseriendatum
Pfadangabe Bild 1.1	Bild
Pfadangabe Bild 1.2	Pfadangabe Bild
...	Bildindex
Bildserie 2	Bittiefe
Bildserien ID	Bilddimensionen
Pfadangabe Bild 2.1	...
Pfadangabe Bild 2.2	Pixelinformationen
...	
...	

**Tabelle 26:** Beispielhafter Aufbau einer DicomDir-Datei (links) und einer Dicom-Bild-Datei (rechts)

Die DicomDir-Datei enthält Attribute mit allgemeinen Informationen zur Studie (Patientenname, Ort, Datum und Inhalt der Untersuchung u.s.w.); außerdem die Auflistung aller zu dieser Untersuchung gehörender Bildserien und derer mit Pfad-angabe versehener Dicom-Bild-Dateien. Die auf diese Weise von der DicomDir-Datei referenzierten und verwalteten Dicom-Bild-Dateien enthalten ebenfalls Attribute mit allgemeinen Angaben zur Studie und Serie, der sie zuzuordnen sind, und darüber hinaus die Grauwert- bzw. Farbinformationen eines Bildes. Tabelle 26 veranschaulicht den Aufbau und die Attributhierarchie einer DicomDir- und einer Dicom-Bild-Datei.

Dementsprechend könnte man die Attribute, ungeachtet ihrer Zugehörigkeit zu bestimmten Attributgruppen bzw. Informations-Objekt-Klassen, in Studien-Attribute, Serien-Attribute und Bild-Attribute unterteilen. Abb. A.3 zeigt einen Screenshot des im Rahmen dieser Arbeit implementierten Dialogs zur Auswahl, zur Anzeige und zum Auslesen einer Dicom-Datei. Die für eine Beispieldatei ausgelesenen Attributeinträge sind entsprechend ihrer Zugehörigkeit zur Studie, Serie oder zum Bild farbig gruppiert.



**Abb. A.3:** Screenshot ReadDicom-Dialog (Software Atisa, Kap. 3.2)

Die vorangegangenen Erläuterungen sollten einen grundlegenden Überblick über die Prinzipien und den Aufbau des Dicom-Formats vermitteln; sie sind jedoch bei weitem nicht vollständig. Detailliertere Informationen können dem Standard, der auf den Internetseiten der NEMA veröffentlicht ist (<http://medical.nema.org>), entnommen werden.

## Aufbau einer DicomDir-Datei

	Datenelemente (Attribute)	Datenstrom	Kodierung
	128 Byte „0“ 4 Byte „DICM“	00 00 ... 00 D I C M	HZ (128 Byte) Z (4 Byte)
H E A D E R	Media Storage SOP Class UID 0002 0002 UI (Unique Identifier) 20 1.2.840.10008.1.3.1	02 00 02 00 U I 20 00 1 . 2 . 8 4 0 . 1 0 0 0 8 . 1 . 3 . 1	HZ (4 Byte) Z (2 Byte) DZ (2 Byte) Z (20 Byte)
	Transfer Syntax UID 0002 0010 UI 20 1.2.840.10008.1.2.1	02 00 10 00 U I 20 00 1 . 2 . 8 4 0 . 1 0 0 0 8 . 1 . 2 . 1	HZ (4 Byte) Z (2 Byte) DZ (2 Byte) Z (20 Byte)
	File Set ID 0004 1130 UI 10 MUSTERKIND	04 00 30 11 U I 10 00 M U S T E R K I N D	HZ (4 Byte) Z (2 Byte) DZ (2 Byte) Z (10 Byte)
D A T E S E T	Study Instance UID 0020 0013 UI 55 1.3.12.2.1107.5.6.1.10004.301...	20 00 0D 00 U I 55 00 1 . 3 . 1 2 . 2 . ...	HZ (4 Byte) Z (2 Byte) DZ (2 Byte) Z (55 Byte)
A T T R I B U T E	Study Date 0008 0020 DA (Date) 8 23.09.2004	08 00 20 00 D A 08 00 2 0 0 4 0 9 2 3	HZ (4 Byte) Z (2 Byte) DZ (2 Byte) Z (8 Byte)

	Patient's Name		
	0010 0010	10 00 10 00	HZ (4 Byte)
	PN (Person Name)	P N	Z (2 Byte)
	15	15 00	DZ (2 Byte)
	Musterkind^Felix	M u s t e r k i n d ^ F e l i x	Z (15 Byte)
	Patient's ID		
	0010 0020	10 00 14 00	HZ (4 Byte)
	LO (Long String)	L O	Z (2 Byte)
	4	04 00	DE (2 Byte)
	4711	4 7 1 1	Z (4 Byte)
D	Series Number		
A	0020 0011	20 00 11 00	HZ (4 Byte)
T	IS (Integer String)	I S	Z (2 Byte)
E	3	03 00	DZ (2 Byte)
N	606	6 0 6	Z (3 Byte)
S			
A	Referenced Pics		
T	0004 1500	04 00 00 15	HZ (4 Byte)
Z	CS (Code String)	C S	Z (2 Byte)
	18	18 00	DZ (2 Byte)
	08251042//09824017	0 8 2 5 1 0 4 2 // 0 9 8 2 4 0 1 7	Z (18 Byte)
	Referenced Pics		
	0004 1500	04 00 00 15	HZ (4 Byte)
	CS	C S	Z (2 Byte)
	18	18 00	DZ (2 Byte)
	08251042//09827084	0 8 2 5 1 0 4 2 // 0 9 8 2 7 0 8 4	Z (18 Byte)
	...	...	...

In den ersten beiden Spalten sind einige Attribute einer Beispieldatei zu sehen (DicomDir-Datei zu „Musterkind Felix“). Die rechte Spalte enthält Angaben darüber, wie die jeweiligen Einträge im binären Datenstrom kodiert sind. Dabei entspricht:

- Z: Kodierung eines Zeichens,
- DZ: Kodierung einer Dezimalzahl,
- HZ: Kodierung einer Hexadezimalzahl.

## A.2 Interfile-Format

Der Interfile-Standard ist ebenso wie der Dicom-Standard auf den Anfang der 80er Jahre zurückzuführen. Er wurde von der AAPM (American Association of Physicists

in Medicine) entwickelt. Auch hier war der Hintergrund die Entwicklung von neuartigen Bildgebungsverfahren zur Visualisierung von inneren Organen und die damit verbundene Notwendigkeit zur Schaffung eines Standards für deren Speicherung. Das Interfile-Format wird heute ausschließlich zur Speicherung nuklearmedizinischer Bilddaten verwendet [TODD-POKROPEK et al. 1992].

Wie die weiteren Ausführungen zeigen, ist dieses Format weitaus weniger komplex als der DICOM-Standard. Damit ist es zwar nicht so leistungsfähig, aber erheblich leichter handhabbar.

Prinzipiell setzt sich das Format aus einer Header-Datei und einer von dieser Datei referenzierten Binärbilddatei zusammen [TODD-POKROPEK et al. 1992].

### 1. Die Interfile-Header-Datei

Der Anfang und das Ende der Header-Datei sind mit dem Identifier „!INTERFILE :=“ bzw. „!END OF INTERFILE :=“ versehen, wodurch die Datei eindeutig als Interfile-Datei erkennbar ist. Sie enthält darüber hinaus allgemeine Angaben bzw. Attribute zu der Studie, dem Patienten, den aufgenommenen Bildern u.s.w.. Entsprechend ihrer Inhalte sind diese Attribute in Untergruppen zusammengefasst, welche in der Datei jeweils durch einen eigenen Identifier eingeleitet werden. Jedem der Attribute ist wiederum ein eindeutiger Schlüssel vorangestellt. Alle Identifier und Attributschlüssel sind im Standard definiert, um das universelle Kodieren und Dekodieren sowie den reibungslosen Datei-Austausch zu gewährleisten.

Sämtliche Einträge (Identifier, Schlüssel und Attribute) sind im Klartextformat gespeichert, weshalb Interfile-Header-Dateien mit einem einfachen Texteditor gelesen und editiert werden können. In der folgenden Tabelle ist auszugsweise eine Beispieldatei dargestellt.

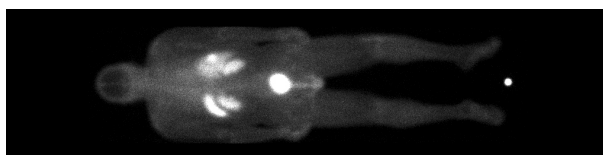
### 2. Die Interfile-Bild-Datei

Jede Interfile-Bild-Datei wird von einer Header-Datei referenziert und verwaltet. Sie selbst enthält keinerlei Informationen zum Patienten oder zur Untersuchung, sondern

Schlüssel	Attribut	Erläuterung
!INTERFILE :=		Identifiziert den Beginn jeder Datei
!imaging modality :=	nucmed	Bilddaten: nuklearmedizinisch
!version of keys :=	3.3	Versionsnummer: 3.3
...		
!GENERAL DATA :=		Identifiziert den Beginn der allg. Daten
data description :=	WHOLE BODY ACQUISITION	Daten: gesamter Körper
!name of data file :=	00020007.I	referenzierte Bilddatei: 00020007.I
!patient ID :=	123456	Patienten-ID: 123456
!study ID :=	051A0J	Studien-ID: 051A0J
...		
!GENERAL IMAGE DATA :=		Identifiziert den Beginn der allg. Bilddaten
imagedata byte order :=	BIGENDIAN	Byte Reihenfolge im Binärbild: Most Significant Byte zuerst
process label :=	POST 2H P.I.	Patientenansicht: von hinten, Stunde nach Injektion: 2
...		
!END OF INTERFILE :=		Identifiziert das Ende jeder Datei

**Tabelle 27:** Beispielhafter Aufbau einer Interfile-Header-Datei (00020007.a); die mit einem „!“ versehenen Attribute sind obligatorisch

lediglich die binär gespeicherten Grauwertinformationen eines oder mehrerer Bilder.



**Abb. A.4:** Beispiel einer Interfile-Bilddatei (Szintigraphie, 00020007.i)

Zur Zeit befindet sich das Interfile-Format in Überarbeitung. Die Spezifikationen der neuen Version 4.0 sind nach ihrer Fertigstellung auf der offiziellen Interfile-Internetseite (<http://www.keston.com/Interfile/interfile.htm>) verfügbar.

Aufgrund der übersichtlichen Struktur des Interfile-Formats war keine Implementierung eines eigenen Tools zum Auslesen der benötigten Interfile-Dateien erforderlich. Lediglich ein einfaches Filter zum Öffnen und Einlesen von binären Bilddateien (Read-BinaerPicFilter, vgl. Anhang A.9) wurde der Software Atisa (vgl. Kap. 3.2) beigelegt.



### A.3 ASCII-Tabelle

Zeichen	Wert	Hex	Zeichen	Wert	Hex	Zeichen	Wert	Hex	Zeichen	Wert	Hex
NUL	0	0x00	SOH	1	0x01	STX	2	0x02	ETX	3	0x03
EOT	4	0x04	ENQ	5	0x05	ACK	6	0x06	BEL	7	0x07
BS	8	0x08	TAB	9	0x09	LF	10	0x0A	VT	11	0x0B
FF	12	0x0C	CR	13	0x0D	SO	14	0x0E	SI	15	0x0F
DLE	16	0x10	DC1	17	0x11	DC2	18	0x12	DC3	19	0x13
DC4	20	0x14	NAK	21	0x15	SYN	22	0x16	ETB	23	0x17
CAN	24	0x18	EM	25	0x19	SUB	26	0x1A	ESC	27	0x1B
FS	28	0x1C	GS	29	0x1D	RS	30	0x1E	US	31	0x1F
Leer	32	0x20	!	33	0x21	"	34	0x22	#	35	0x23
\$	36	0x24	%	37	0x25	&	38	0x26	,	39	0x27
(	40	0x28	)	41	0x29	*	42	0x2A	+	43	0x2B
,	44	0x2C	-	45	0x2D	.	46	0x2E	/	47	0x2F
0	48	0x30	1	49	0x31	2	50	0x32	3	51	0x33
4	52	0x34	5	53	0x35	6	54	0x36	7	55	0x37
8	56	0x38	9	57	0x39	:	58	0x3A	;	59	0x3B
<	60	0x3C	=	61	0x3D	>	62	0x3E	?	63	0x3F
@	64	0x40	A	65	0x41	B	66	0x42	C	67	0x43
D	68	0x44	E	69	0x45	F	70	0x46	G	71	0x47
H	72	0x48	I	73	0x49	J	74	0x4A	K	75	0x4B
L	76	0x4C	M	77	0x4D	N	78	0x4E	O	79	0x4F
P	80	0x50	Q	81	0x51	R	82	0x52	S	83	0x53
T	84	0x54	U	85	0x55	V	86	0x56	W	87	0x57
X	88	0x58	Y	89	0x59	Z	90	0x5A	[	91	0x5B
\	92	0x5C	]	93	0x5D	^	94	0x5E	_	95	0x5F
`	96	0x60	a	97	0x61	b	98	0x62	c	99	0x63
d	100	0x64	e	101	0x65	f	102	0x66	g	103	0x67
h	104	0x68	i	105	0x69	j	106	0x6A	k	107	0x6B
l	108	0x6C	m	109	0x6D	n	110	0x6E	o	111	0x6F
p	112	0x70	q	113	0x71	r	114	0x72	s	115	0x73
t	116	0x74	u	117	0x75	v	118	0x76	w	119	0x77
x	120	0x78	y	121	0x79	z	122	0x7A	{	123	0x7B
	124	0x7C	}	125	0x7D	~	126	0x7E	DEL	127	0x7F

Abb. A.5: ASCII-Tabelle

## A.4 Einteilung von Bildverarbeitungsoperationen

Bildverarbeitungsoperationen dienen zur Modifikation von Bildinhalten und zum Hervorheben bestimmter Bildmerkmale. Dies geschieht, indem Bildpunkte eines Eingangsbildes mit Hilfe einer mathematischen Abbildung (Transformation) in Bildpunkte eines Ausgangsbildes überführt werden. Die Einteilung in Punkt-, lokale und globale Operatoren basiert auf der Bildpunktanzahl, die der jeweiligen Operation zugrunde liegt [KLETTE und ZAMPERONI 1996].

### Punktoperatoren

Ein Punktoperator  $O$  ordnet einem Eingangsbild  $s$  durch eine Transformation der Grauwerte der einzelnen Pixel ein Ausgangsbild  $\tilde{s}$  zu. Der Grauwert  $s(x, y)$  eines Pixels  $(x, y)$  wird dabei nur in Abhängigkeit vom Grauwert selbst und eventuell von der Position des Pixels im Bild modifiziert [KLETTE und ZAMPERONI 1996].

$$\tilde{s}(x, y) = O_{xy}(s(x, y)) \quad (21)$$

Punktoperatoren eignen sich insbesondere zur Modifikation von Bildinhalten, wie beispielsweise zur Kontrastverstärkung oder zur Helligkeitskorrektur.

### Lokale Operatoren (Nachbarschaftsoperatoren)

Lokale Operatoren sind im Allgemeinen dadurch charakterisiert, dass bei ihnen für jeden Bildpunkt eine auf seine lokale Nachbarschaft beschränkte Transformation durchgeführt wird. Zur Beschreibung und Durchführung dieser lokalen Transformationen werden Masken bzw. Fenster verwendet, deren Größe durch die betrachtete Bildumgebung der einzelnen Bildpunkte festgelegt ist. Sie eignen sich insbesondere zur Merkmalsextraktion in Bildern [JÄHNE 2005, KLETTE und ZAMPERONI 1996].

Entsprechend der Art ihrer Transformation werden lokale Operatoren in lineare Filter, Rangordnungsoperatoren und morphologische Filter unterteilt.

## 1. Lineare Operatoren

Ein Filter bzw. Operator ist dann linear, wenn bei seiner Anwendung das Superpositionsprinzip gilt. Das heißt, ein komplexes Eingangssignal kann in einfachere Komponenten zerlegt werden, auf die der Operator angewendet wird. Setzt man die resultierenden Einzelergebnisse wieder zusammen, erhält man dasselbe Gesamtergebnis wie bei der Anwendung des Operators auf das komplexe Eingangssignal. Bei linearen Filtern ergibt sich das transformierte Bild  $\tilde{s}$  durch Faltung des Eingangsbildes  $s$  mit einer Maske  $s'$ .

$$\tilde{s}_{x,y} = \sum_{x'=-m}^m \sum_{y'=-m}^m s'_{x',y'} \cdot s_{x+x',y+y'} \quad (22)$$

Die Faltung mit einer Filtermaske kann durch Wichten und Addieren charakterisiert werden. Lineare Operatoren sind beispielsweise das Mittelwert- und das Gaußfilter, die bei der Bildglättung Anwendung finden [JÄHNE 2005].

## 2. Rangordnungsfiler (nichtlinear)

Anders als bei linearen Filtern ist die Operation zur Kombination benachbarter Pixel bei Rangordnungsfiltren durch Vergleichen und Selektieren charakterisiert. Die Pixel innerhalb der Filtermaske werden zunächst entsprechend ihrer Grauwerte in aufsteigender Reihenfolge sortiert. Die Position des Pixels, dessen Grauwert in das zentrale Pixel des Ergebnisbildes zurückgeschrieben werden soll, ist abhängig vom Ziel des Filturvorgangs. Wird beispielsweise das erste Pixel zurückgeschrieben, handelt es sich um ein Minimumfilter, mit dem vereinzelte helle Bildstörungen beseitigt werden können [JÄHNE 2005].

## 3. Morphologische Operatoren (nichtlinear)

Morphologische Operatoren werden in Binärbildern angewendet, um Bildpunkte zu einem Objekt hinzuzufügen oder zu entfernen. Sowohl das Eingangsbild als auch die Maske werden als „Punktmengen“ betrachtet, so dass die Filterung mit Hilfe von Mengenoperationen zwischen Bild- und Maskenpunkten erfolgt, während das strukturierende Element (die Maske) pixelweise über das Bild geschoben wird. Die Form und die Größe

der Maske sowie die Art und Verknüpfung verschiedener Mengenoperationen werden von den herauszuarbeitenden Bildstrukturen bestimmt. Praktische Anwendung finden solche Operationen beispielsweise bei der Glättung von Objekträndern oder beim Erzeugen zusammenhängender Objektregionen [JÄHNE 2005].

## Globale Operatoren

Globale Operatoren betrachten für die Transformation eines jeden Pixels immer das gesamte Bild. Ein Beispiel für einen globalen Operator ist die Fouriertransformation, bei der die Grauwertinformation der Pixel aus dem Ortsraum in den Frequenzraum transformiert werden [KLETTE und ZAMPERONI 1996].

Bei den in dieser Arbeit zur Anwendung kommenden Filtern handelt es sich ausschließlich um lokale lineare Operatoren (vgl. Kap. 3).

## A.5 Glättungs-Operatoren

### Das Mittelwertfilter

Das Mittelwertfilter ist ein lineares Filter, bei dessen Anwendung jedem Bildpunkt der gerundete Mittelwert der durch die Filtermaske überdeckten Nachbarpunkte zugeordnet wird. Diese mathematische Abbildung kann durch eine Faltung des Bildes mit der Maske realisiert werden.

	1	1	1	1	1
	1	1	1	1	1
1/25 ·	1	1	1	1	1
	1	1	1	1	1
	1	1	1	1	1

**Abb. A.6:** Maske eines Mittelwertfilters der Größe  $5 \times 5$

Abbildung A.6 zeigt die Maske eines Mittelwertfilters der Größe  $5 \times 5$ . Der vorangestellte Faktor  $\frac{1}{25}$  dient der Normierung. Je größer die verwendete Filtermaske ist, umso

stärker ist der Glättungseffekt.

Weil alle von der Maske überdeckten Bildpunkte mit gleicher Wichtung in den Ergebnisbildpunkt eingehen, werden bestehende Kanten stark abgeflacht und das gefilterte Bild erscheint häufig unscharf [HANDELS 2000].

### Das Gaußfilter

Das Gaußfilter ist ebenfalls ein lineares Filter, das auf der Faltung des Bildes mit einer Filtermaske basiert (vgl. Kap. A.4 Lineare Filter). Die Struktur der Filtermaske ist an der zweidimensionalen Gauß'schen Normalverteilung orientiert.

Im Gegensatz zum Mittelwertfilter wird hier der Einfluss der Umgebungsbildpunkte auf das Filterergebnis in Abhängigkeit vom Abstand zum zentralen Bildpunkt gewichtet. Dadurch weist das Filterergebnis weniger Verschmierungen und nicht so stark abgeflachte Kanten auf. Die ursprüngliche Bildinformation wird weniger verfälscht.

	1	4	6	4	1
	4	16	24	16	4
1/256 ·	6	24	36	24	6
	4	16	24	16	4
	1	4	6	4	1

**Abb. A.7:** Maske eines Gaußfilters der Größe  $5 \times 5$

Abbildung A.7 zeigt die Maske eines Gaußfilters der Größe  $5 \times 5$  [HANDELS 2000].

### Das Medianfilter

Das Medianfilter ist ein Rangordnungsoperator, der jedem Bildpunkt den Median der in seiner lokalen Umgebung auftretenden Grauwerte zuordnet. Dies geschieht, indem nach erfolgter Sortierung der benachbarten Grauwerte der mittlere ausgewählt und ins Ergebnisbild zurückgeschrieben wird.

	255	254	255	255	255				
	254	255	254	254	255				
	254	255	5	255	255				
	255	255	255	255	254				
	255	255	254	254	255				
5	254	254	255	255	255	255	255	255	255

Abb. A.8: Beispiel für ein Medianfilter

Abb. A.8 zeigt, wie mit Hilfe eines Medianfilters ein dunkler Bildpunkt, beispielsweise verursacht durch einen Pixeldefekt im Sensor, aus einem weißen Bild fehlerfrei beseitigt werden kann. Dieses Beispiel zeigt, dass der Medianfilter hervorragend geeignet ist, um vereinzelte Ausreißer im Bild zu eliminieren. Ähnlich wie beim Gaußfilter bleiben Objektkanten und Bildschärfe weitestgehend erhalten [HANDELS 2000].

## A.6 Kanten-Operatoren

### 1. Gradientenoperator (Ableitung 1. Ordnung) [WILTGEN 1999, S.102ff]

In der Bildverarbeitung ist der Gradient eine Funktion des zweidimensionalen Bildsignals (Skalarfeld), die den Betrag und die Richtung der größten Grauwertänderung in jedem Bildpunkt in Form eines Vektorfeldes angibt. Mathematisch kann diese Operation durch den Nabla-Operator (Differentialquotient 1. Ordnung) beschrieben werden:

$$\vec{\nabla} = \begin{pmatrix} \frac{\partial}{\partial x} \\ \frac{\partial}{\partial y} \end{pmatrix} \quad (23)$$

Da der digitalen Bildverarbeitung diskrete Bildsignale zugrunde liegen, gehen die Differentialquotienten  $\left(\frac{\partial}{\partial x}, \frac{\partial}{\partial y}\right)$  in Differenzenquotienten  $(\Delta x, \Delta y)$  über:

$$\frac{\partial s(x, y)}{\partial x} \rightarrow \Delta_x s(x, y) = \frac{s(x + \Delta x, y) - s(x, y)}{\Delta x} \quad (24)$$

$$\frac{\partial s(x, y)}{\partial y} \rightarrow \Delta_y s(x, y) = \frac{s(x, y + \Delta y) - s(x, y)}{\Delta y} \quad (25)$$

wobei  $(\Delta x, \Delta y) = 1$  gewählt wird:

$$\Delta_x s(x, y) = s(x + 1, y) - s(x, y) \quad (26)$$

$$\Delta_y s(x, y) = s(x, y + 1) - s(x, y) \quad (27)$$

Die entsprechenden Filtermasken sehen wie folgt aus (einfache Differenzoperatoren):

$$s'_x(x', y') = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \quad (28)$$

$$s'_y(x', y') = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \quad (29)$$

Für die Filteroperation in x- und y-Richtung gilt dann:

$$\Delta_x s(x, y) = \sum_{x'=0}^2 \sum_{y'=0}^2 s(x - 1 + x', y - 1 + y') \cdot s'_x(x', y') \quad (30)$$

$$\Delta_y s(x, y) = \sum_{x'=0}^2 \sum_{y'=0}^2 s(x - 1 + x', y - 1 + y') \cdot s'_y(x', y') \quad (31)$$

$\Delta_x s(x, y)$  ist der Gradientenwert an der Stelle  $(x, y)$  in x-Richtung,  $\Delta_y s(x, y)$  in y-Richtung. Auf diesem Wege kann für jeden Bildpunkt ein zweidimensionaler Gradientenvektor (Gradientenwertpaar) ermittelt werden.

Um aus diesem Vektorfeld eine Darstellung, die nur die Grauwertübergänge des Eingangsbildes enthält, zu erzeugen, müssen die jeweiligen Gradientenwertpaare zu Gradientenbeträgen  $G(x, y)$  zusammengefasst werden (Abb. A.9 Gradientenbetragsbild). Dies kann beispielsweise durch die einfache Betragsbildung der Gradientenvektoren geschehen:

$$G(x, y) = \left| \begin{pmatrix} \Delta_x s(x, y) \\ \Delta_y s(x, y) \end{pmatrix} \right| = \sqrt{(\Delta_x s(x, y))^2 + (\Delta_y s(x, y))^2} \quad (32)$$

Eine andere Darstellungsweise ergibt sich, wenn man von den einzelnen Gradientenwertpaaren lediglich die x- oder die y-Komponente betrachtet und sie auf einen positiven Wertebereich, z.B. 0 bis 255, abbildet. Da homogene Regionen keinen Anstieg, Hell-Dunkel-Grauwertübergänge einen negativen und Dunkel-Hell-Grauwertübergänge einen positiven Anstieg haben, erscheinen homogene Bildregionen im Gradientenbild grau, während Kanten als dunkle bzw. helle Linien zu sehen sind (Abb. A.9 Gradientenbild).

Abbildung A.9 zeigt beispielhaft ein Bild mit seinem zugehörigen Gradientenbetrags- und Gradientenbild.



**Abb. A.9:** Grauwertbild, Gradientenbild, Gradientenbetragsbild (von links nach rechts)

In der Praxis kommen in der Regel Filtermasken zum Einsatz, bei denen die Differenzbildung jeweils zur übernächsten Bildzeile bzw. -spalte berechnet wird. Das hat den Vorteil, dass kleine Störungen benachbarter Punkte, wie z.B. Rauschen, nicht berücksichtigt werden. Darüber hinaus werden die Grauwertdifferenzen in Richtung des jeweiligen Gradienten meist über mehrere Bildpunkte gemittelt [WILTGEN 1999].

Tabelle 28 gibt einen Überblick über die wichtigsten Gradientenoperatoren. Zur Vereinfachung sind jeweils nur die Filtermasken zur Gradientenbestimmung in x-Richtung angegeben [WILTGEN 1999, HANDELS 2000].



Gradienten-Operator	Filtermasken (in x-Richtung)	Eigenschaften
Roberts-Operator	$s'_x(x', y') = \frac{1}{2} \cdot \begin{pmatrix} 0 & 1 \\ -1 & 0 \end{pmatrix}$	berechnet die Differenz über Kreuz liegender Pixel einfach und schnell zu berechnen sehr rauschempfindlich, da keine Glättung
Prewitt-Operator	$s'_x(x', y') = \frac{1}{6} \cdot \begin{pmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 1 & 0 & -1 \\ 1 & 0 & -1 \end{pmatrix}$	berechnet die Differenzen zur übernächsten Bildspalte Glättung durch einfachen Mittelwert mehrerer Bildpunkte
Sobel-Operator	$s'_x(x', y') = \frac{1}{8} \cdot \begin{pmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 2 & 0 & -2 \\ 1 & 0 & -1 \end{pmatrix}$	berechnet die Differenzen zur übernächsten Bildspalte Glättung durch gauß-gewichteten Mittelwert mehrerer Bildpunkte
Canny-Operator	zusammengesetzt aus Gauß- und Sobel-Operator	sehr gute Ergebnisse bei stark verrauschten Bildern relativ zeitaufwendig

**Tabelle 28:** Grundlegende Gradienten-Operatoren und ihre Eigenschaften

## 2. Laplaceoperator (Ableitung 2. Ordnung)

Der Laplaceoperator basiert auf der Summe der 2. partiellen Ableitungen des Bildsignals in x- und y-Richtung [WILTGEN 1999]:

$$\nabla^2 = \frac{\partial^2}{\partial x^2} + \frac{\partial^2}{\partial y^2} \quad (33)$$

Für den diskreten Fall gehen die Differentialquotienten 2. Ordnung wiederum in Differenzenquotienten 2.Ordnung über:

$$\frac{\partial^2 s(x, y)}{\partial x^2} \rightarrow \Delta_x^2 s(x, y) = \frac{\Delta_x s(x, y) - \Delta_x s(x - \Delta x, y)}{\Delta x} \quad (34)$$

$$\frac{\partial^2 s(x, y)}{\partial y^2} \rightarrow \Delta_y^2 s(x, y) = \frac{\Delta_y s(x, y) - \Delta_y s(x, y - \Delta y)}{\Delta y} \quad (35)$$

Bei  $\Delta x, \Delta y = 1$  gilt:

$$\begin{aligned}\Delta_x^2 s(x, y) &= \Delta_x s(x, y) - \Delta_x s(x - 1, y) \\ &= (s(x + 1, y) - s(x, y)) - (s(x, y) - s(x - 1, y)) \\ &= s(x + 1, y) + s(x - 1, y) - 2s(x, y)\end{aligned}\tag{36}$$

$$\begin{aligned}\Delta_y^2 s(x, y) &= \Delta_y s(x, y) - \Delta_y s(x, y - 1) \\ &= (s(x, y + 1) - s(x, y)) - (s(x, y) - s(x, y - 1)) \\ &= s(x, y + 1) + s(x, y - 1) - 2s(x, y)\end{aligned}\tag{37}$$

Die Summe ergibt sich dann zu:

$$\begin{aligned}\Delta^2 s(x, y) &= \Delta_x^2 s(x, y) + \Delta_y^2 s(x, y) \\ &= s(x + 1, y) + s(x - 1, y) + s(x, y + 1) + s(x, y - 1) - 4s(x, y)\end{aligned}\tag{38}$$

Die entsprechende Filtermaske sieht folgendermaßen aus:

$$s'(x', y') = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & -4 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}\tag{39}$$

Die zweite Ableitung ist ein Indikator für das „Krümmungsverhalten“ des Bildsignals. Bleibt der Anstieg benachbarter Grauwerte im Bild unverändert, liefert der Laplace-Operator den Wert „0“. Dies gilt für Bildregionen mit homogenen Grauwerten und an Kanten [WILTGEN 1999, HANDELS 2000]. Lediglich beim Übergang eines homogenen Bildbereichs in eine Kante und umgekehrt ändert sich der Anstieg je einmal positiv und einmal negativ (Links- bzw. Rechtskrümmung); dazwischen (auf der Kante) ist er kurzzeitig konstant. Bildet man folglich die Ergebnisse der Laplace-Filterung auf einen positiven Wertebereich, z.B. 0 bis 255, ab, erscheint das gesamte Bild grau, wobei an allen Bildkanten stets eine graue von einer hellen und einer dunklen Linie umrandet wird (vgl. Abb. A.10).

Eine andere häufig verwendete Darstellungsform ist die Abbildung als Binärbild. Hier werden in einem Nachverarbeitungsschritt die Nulldurchgänge im Laplace-Bild

bestimmt. Diese Stellen entsprechen den Kanten und erhalten im Ergebnisbild den Wert 255, während der Rest vom Bild schwarz erscheint (vgl. Abb. A.10). Abbildung A.10 zeigt beispielhaft ein Bild mit seinem zugehörigen Laplace- und Binärbild.



**Abb. A.10:** Grauwertbild, Laplacebild, Binärbild (von links nach rechts)

Im Gegensatz zu den meisten Gradientenoperatoren liegen der Berechnung beim Laplace-Filter stets direkt benachbarte Bildpunkte zugrunde. Aufgrund dieser Tatsache reagiert der Laplace-Operator sehr empfindlich auf Rauscheffekte im Bild, so dass bei seiner Verwendung häufig Glättungsfilter vorweg geschaltet werden. Die folgende Tabelle zeigt abschließend die wichtigsten Laplace-Operatoren.

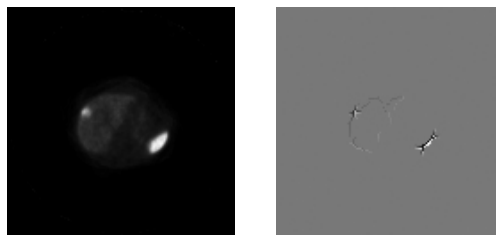
Laplace-Operator	Filtermasken	Eigenschaften
Laplace-Operator (direkte Nachbarn)	$s'(x', y') = \frac{1}{8} \cdot \begin{pmatrix} 0 & -1 & 0 \\ -1 & 4 & -1 \\ 0 & -1 & 0 \end{pmatrix}$	berechnet die Summe der zweiten partiellen Ableitungen des Bildsignals einfach, schnell zu berechnen sehr rauschempfindlich, da kaum Glättung
Laplace-Operator (alle Nachbarn)	$s'(x', y') = \frac{1}{16} \cdot \begin{pmatrix} -1 & -1 & -1 \\ -1 & 8 & -1 \\ -1 & -1 & -1 \end{pmatrix}$	berechnet die Summe der zweiten partiellen Ableitungen des Bildsignals einfach, schnell zu berechnen weniger rauschempfindlich, da leichte Glättung
Marr-Hildreth-Operator (LoG)	zusammengesetzt aus Gauß- und Laplace-Operator	verbesserte Ergebnisse bei stark verrauschten Bildern relativ zeitaufwendig

**Tabelle 29:** Grundlegende Laplace-Operatoren und ihre Eigenschaften

## A.7 Korrelationsergebnisse: Korrespondierende Querschnittsbilder

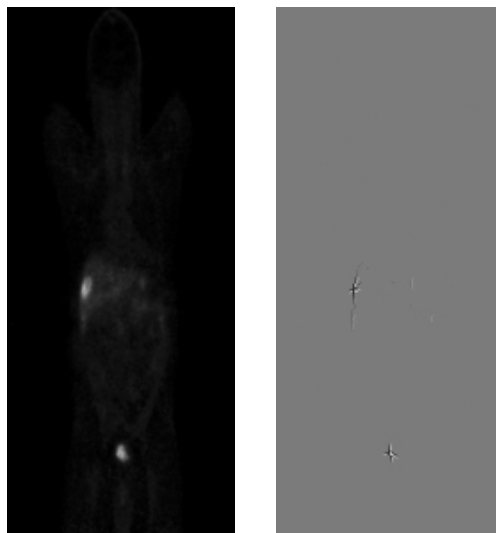
### Templates

#### Template: Horizontale Querschnittsbilder

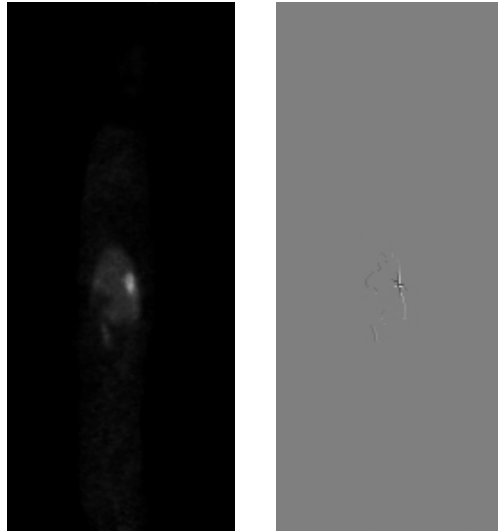


**Abb. A.11:** Horizontales Template  $T_h$ , Querschnittsbild 160 zum Zeitpunkt  $t_1$ , links: Graustufenbild (128 x 128 Px), rechts: Kantenbild (166 Kantenlisteneinträge)

#### Template: Vertikale Querschnittsbilder

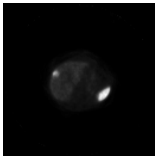
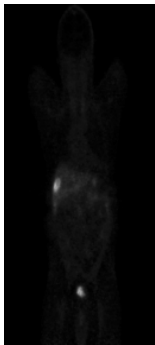
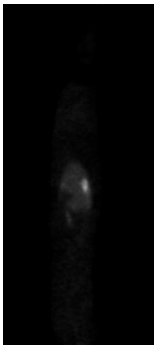
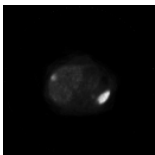
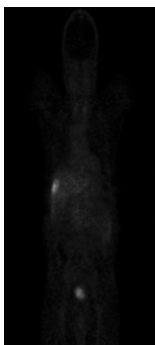
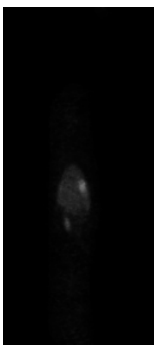
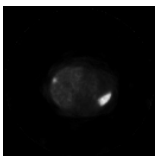
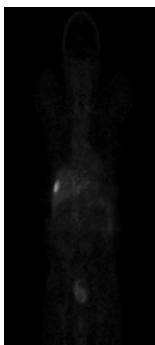
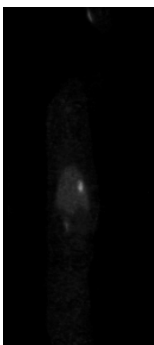


**Abb. A.12:** Vertikales Template  $T_v$ , Querschnittsbild 69 zum Zeitpunkt  $t_1$ , links: Graustufenbild (128 x 255 Px), rechts: Kantenbild (140 Kantenlisteneinträge)

**Template: Vertikal rotierte Querschnittsbilder**

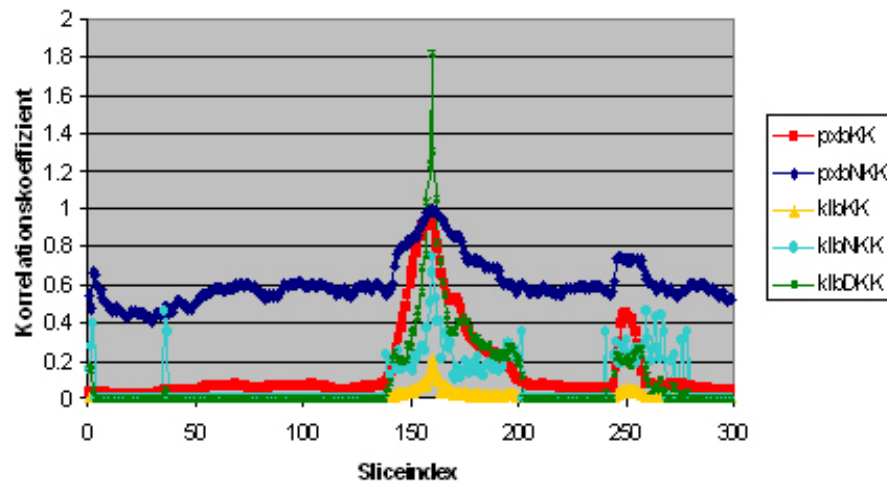
**Abb. A.13:** Rotiertes vertikales Template  $T_{rv}$ , Querschnittsbild 84 zum Zeitpunkt  $t_1$ , links: Graustufenbild (128 x 255 Px), rechts: Kantenbild (123 Kantenlisteneinträge)

## Subjektiv ermittelte Bilder der einzelnen Bildserien mit größter Ähnlichkeit zu den Templates

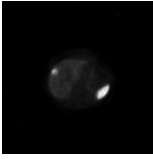

Ähnlichste Querschnittsbilder (subjektiv)			
	horizontal	vertikal	vertikal rotiert
$t_1$	 160	 69	 84
$t_2$	 160	 67	 85
$t_1$	 161	 66	 84

**Tabelle 30:** Horizontale, vertikale und vertikal rotierte Bilder der einzelnen Aufnahmezeitpunkte mit der größten Ähnlichkeit zu den Templates

## Korrelationskoeffizienten: Horizontale Querschnittsbilder zum Zeitpunkt $t_1$

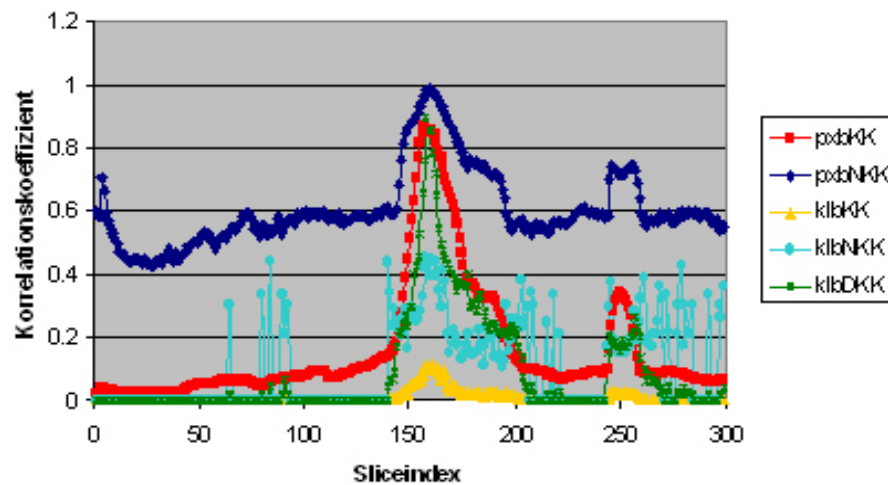


**Abb. A.14:** Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen horizontalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template  $T_h$  zum Zeitpunkt  $t_1$

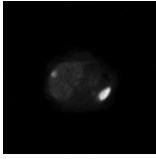
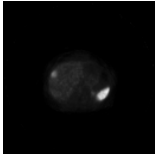

Algorithmus	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Querschnittsbild mit max. Koeff.	160 		160 		
Max.position im Koeff.bild	[64, 64]		[127, 127]		

**Tabelle 31:** Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_h$ ,  $t_1$ )

## Korrelationskoeffizienten: Horizontale Querschnittsbilder zum Zeitpunkt $t_2$



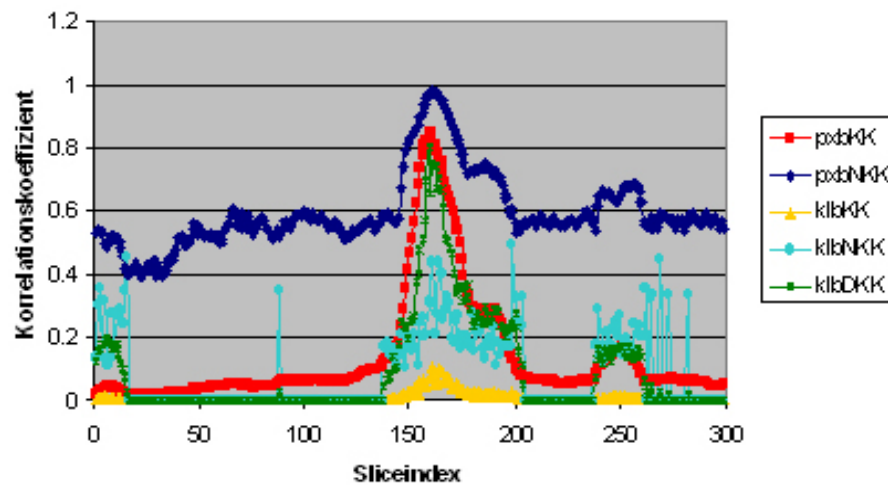
**Abb. A.15:** Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen horizontalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template  $T_h$  zum Zeitpunkt  $t_2$

Algorithmus	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Querschnittsbild mit max. Koeff.	160 	159 	158 		
Max.position im Koeff.bild	[64, 66]	[63, 66]	[127, 128]		[126, 129]

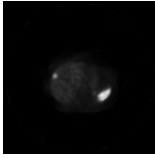
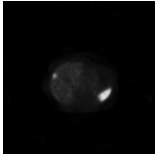

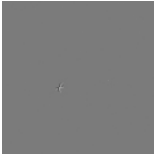
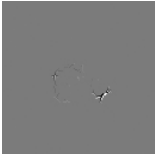
**Tabelle 32:** Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_h$ ,  $t_2$ )



## Korrelationskoeffizienten: Horizontale Querschnittsbilder zum Zeitpunkt $t_3$

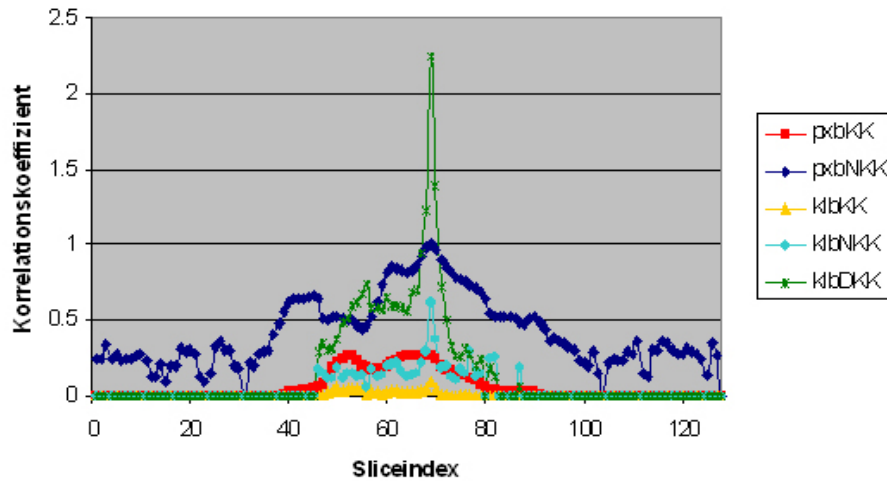


**Abb. A.16:** Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen horizontalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template  $T_h$  zum Zeitpunkt  $t_3$

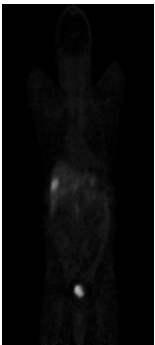
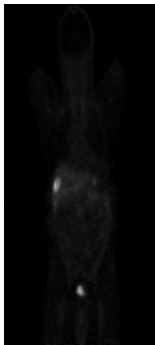

Algorithmus	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Querschnittsbild mit max. Koeff.	160 	161 	161 	199 	159 
Max.position im Koeff.bild	[64, 67]	[65, 66]	[129, 128]	[90, 123]	[127, 130]

**Tabelle 33:** Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_h$ ,  $t_3$ )

## Korrelationskoeffizienten: Vertikale Querschnittsbilder zum Zeitpunkt $t_1$

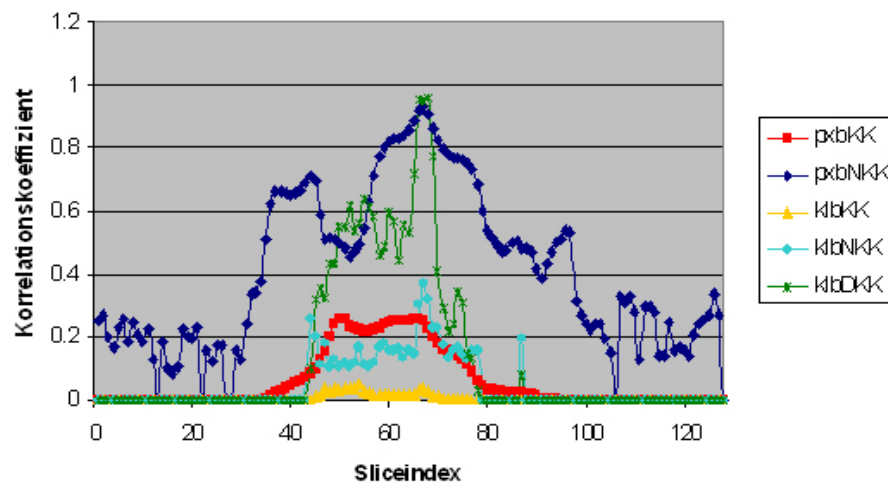


**Abb. A.17:** Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template  $T_v$  zum Zeitpunkt  $t_1$

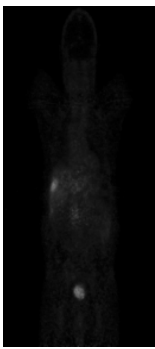
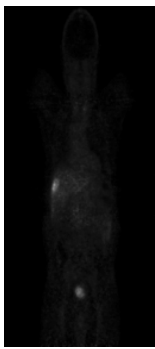



Algorithmus	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Querschnittsbild mit max. KorrKoeff.	68 	69 	69 		
Max.position im Koeff.bild	[64, 150]		[127, 298]		

**Tabelle 34:** Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_v$ ,  $t_1$ )

## Korrelationskoeffizienten: Vertikale Querschnittsbilder zum Zeitpunkt $t_2$

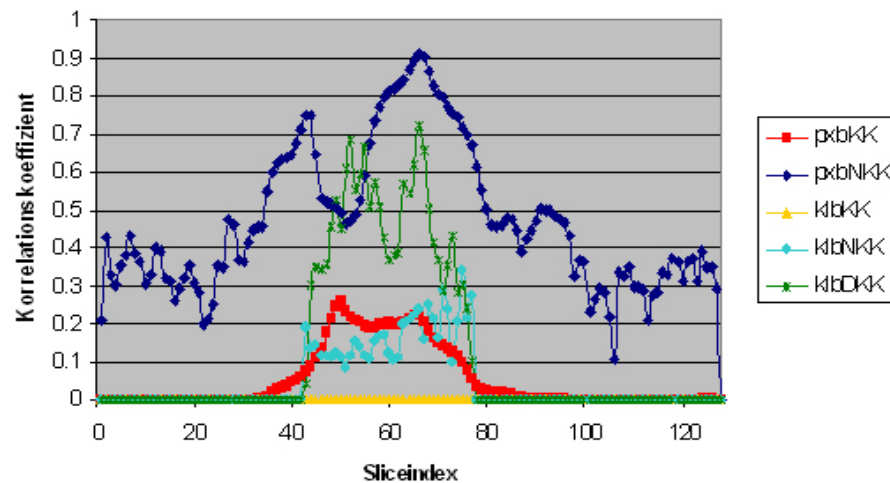


**Abb. A.18:** Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template  $T_v$  zum Zeitpunkt  $t_2$

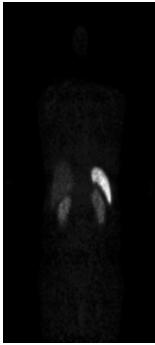
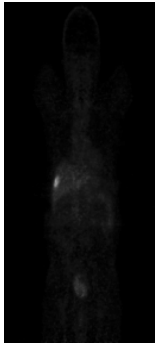



Algorithmus	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Querschnittsbild mit max. Koeff.	66 	67 	54 	67 	68 
Max.position im Koeff.bild	[63, 149]	[63, 149]	[152, 216]	[126, 297]	[126, 298]

**Tabelle 35:** Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_v$ ,  $t_2$ )

## Korrelationskoeffizienten: Vertikale Querschnittsbilder zum Zeitpunkt $t_3$

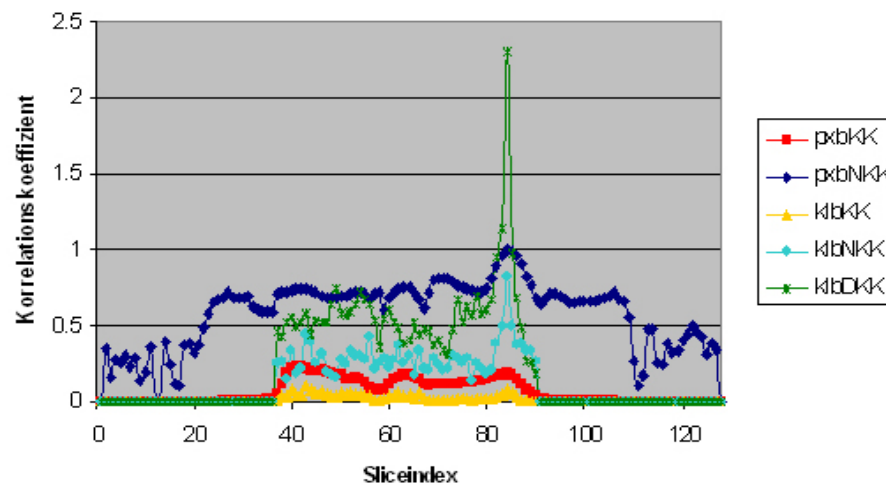


**Abb. A.19:** Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikalen Querschnittsbilder beim Matchen mit Template  $T_v$  zum Zeitpunkt  $t_3$

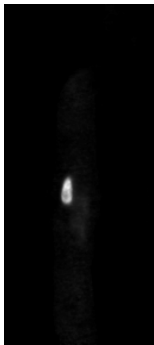
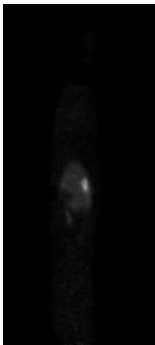


Algorithmus	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Querschnittsbild mit max. Koeff.	50 	66 	53 	75 	66 
Max.position im Koeff.bild	[99, 145]	[64, 149]	[153, 218]	[106, 56]	[127, 298]

**Tabelle 36:** Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_v$ ,  $t_3$ )

## Korrelationskoeffizienten: Vertikal rotierte Querschnittsbilder zum Zeitpunkt $t_1$

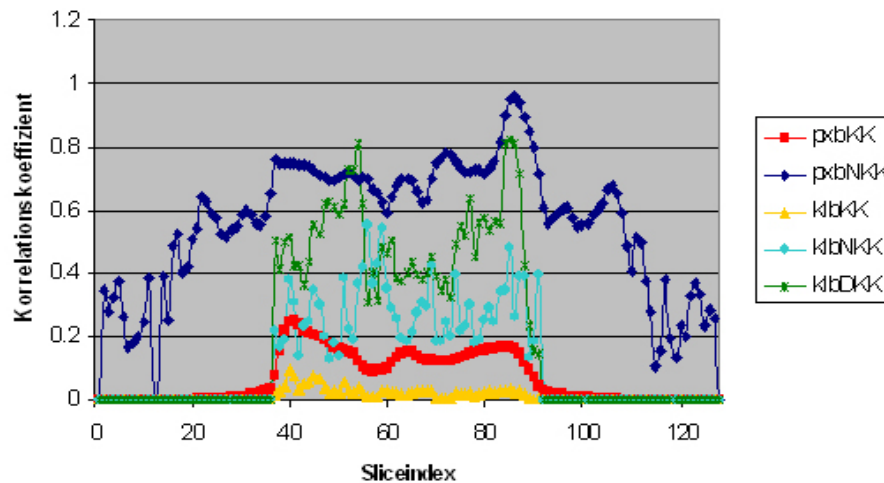


**Abb. A.20:** Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikal rotierten Querschnittsbilder beim Matchen mit Template  $T_{rv}$  zum Zeitpunkt  $t_1$

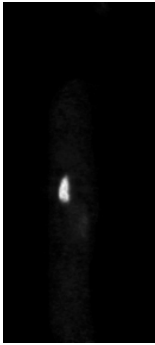
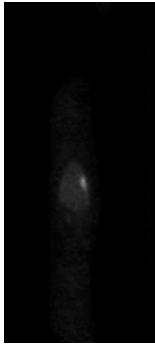



Algorithmus	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Querschnittsbild mit max. KorrKoeff.	41 	84 	43 	84 	
Max.position im Koeff.bild	[49, 152]	[64, 150]	[110, 297]	[127, 298]	

**Tabelle 37:** Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_{rv}, t_1$ )

## Korrelationskoeffizienten: Vertikal rotierte Querschnittsbilder zum Zeitpunkt $t_2$

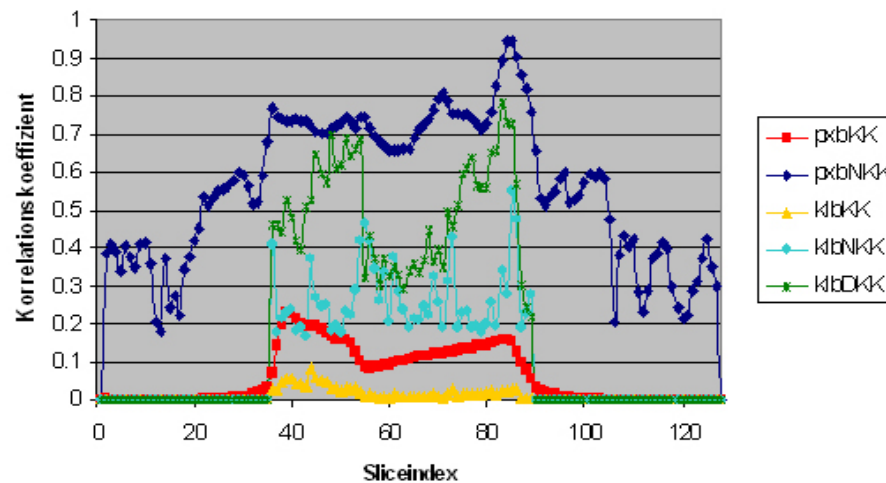


**Abb. A.21:** Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikal rotierten Querschnittsbilder beim Matchen mit Template  $T_{rv}$  zum Zeitpunkt  $t_2$

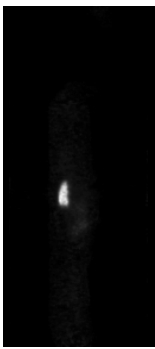
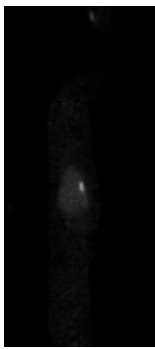



Algorithmus	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Querschnittsbild mit max. Koeff.	41 	86 	40 	56 	85 
Max.position im Koeff.bild	[47, 154]	[62, 150]	[110, 309]	[116, 309]	[125, 297]

**Tabelle 38:** Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_{rv}$ ,  $t_2$ )

## Korrelationskoeffizienten: Vertikal rotierte Querschnittsbilder zum Zeitpunkt $t_3$



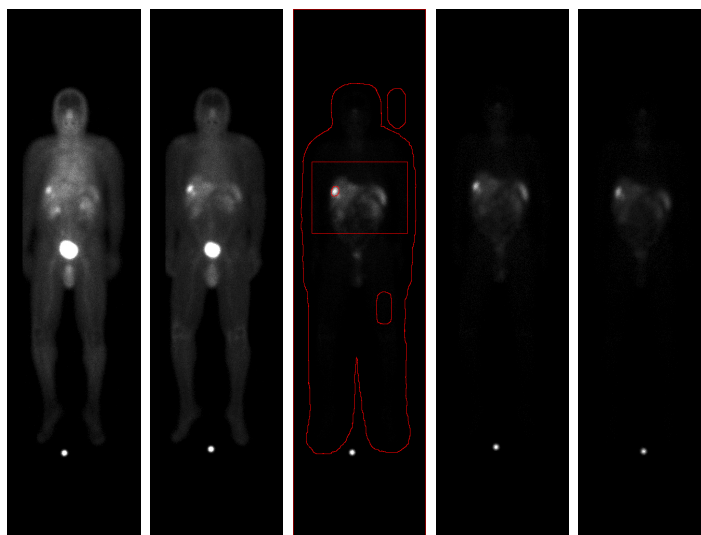
**Abb. A.22:** Maximale Korrelationskoeffizienten der einzelnen vertikal rotierten Querschnittsbilder beim Matchen mit Template  $T_{rv}$  zum Zeitpunkt  $t_3$

Algorithmus	pxbKK	pxbNKK	klbKK	klbNKK	klbDKK
Querschnittsbild mit max. Koeff.	40 	85 	44 	85 	83 
Max.position im Koeff.bild	[47, 155]	[60, 150]	[107, 295]	[132, 148]	[123, 296]

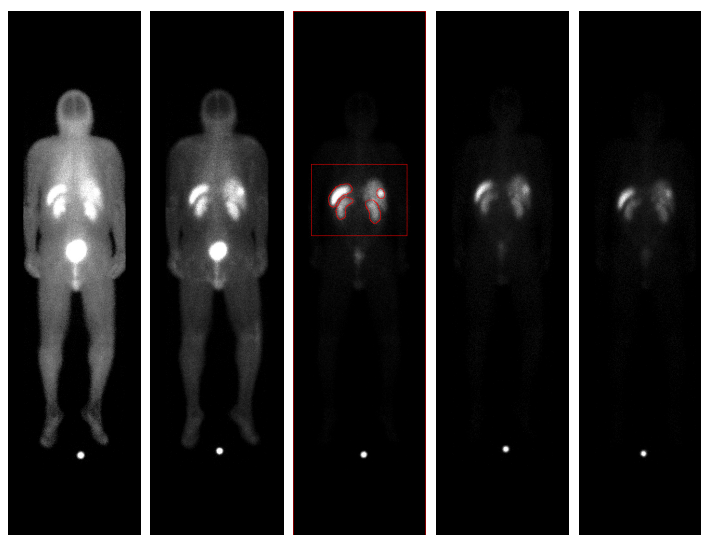
**Tabelle 39:** Indizes und Querschnittsbilder mit den höchsten Korrelationskoeffizienten; Position des maximalen Koeffizienten im zugehörigen Koeffizientenbild ( $T_{rv}$ ,  $t_3$ )

## A.8 Korrelationsergebnisse: Dosimetrie (mittlere Grauwerte in den Regions of Interest)

Patient 0002

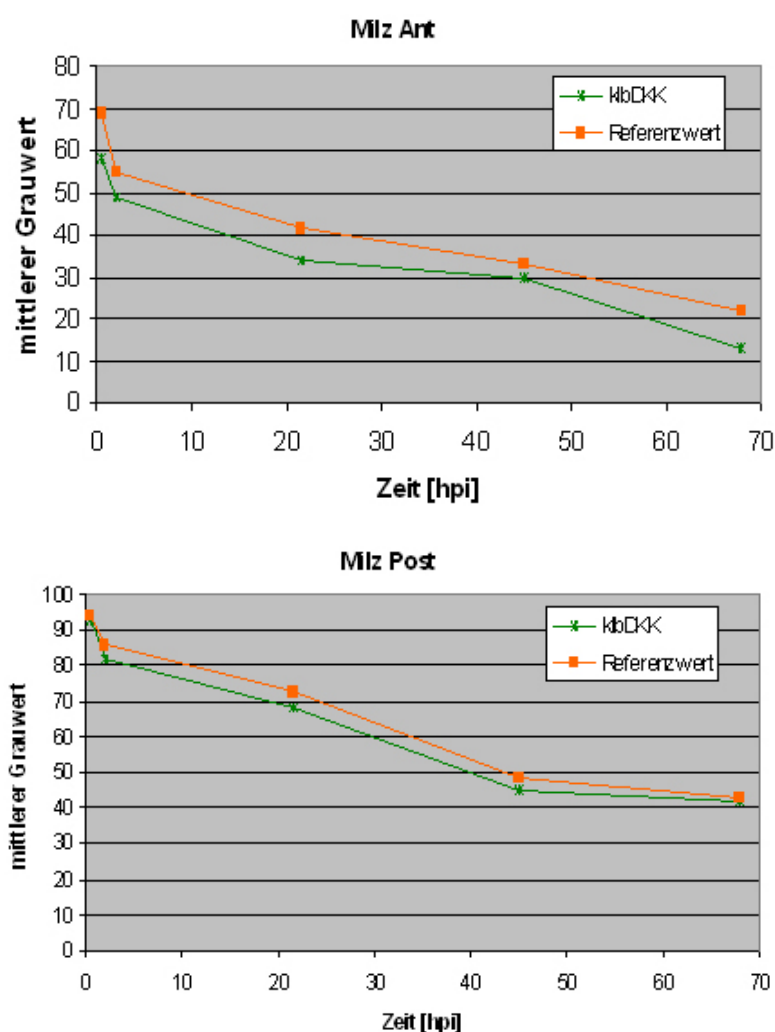


**Abb. A.23:** Szintigraphiebilder Patient 0002 anterior; von links nach rechts: 0,5 h, 2 h, 21,5 h, 45 h, 68 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert



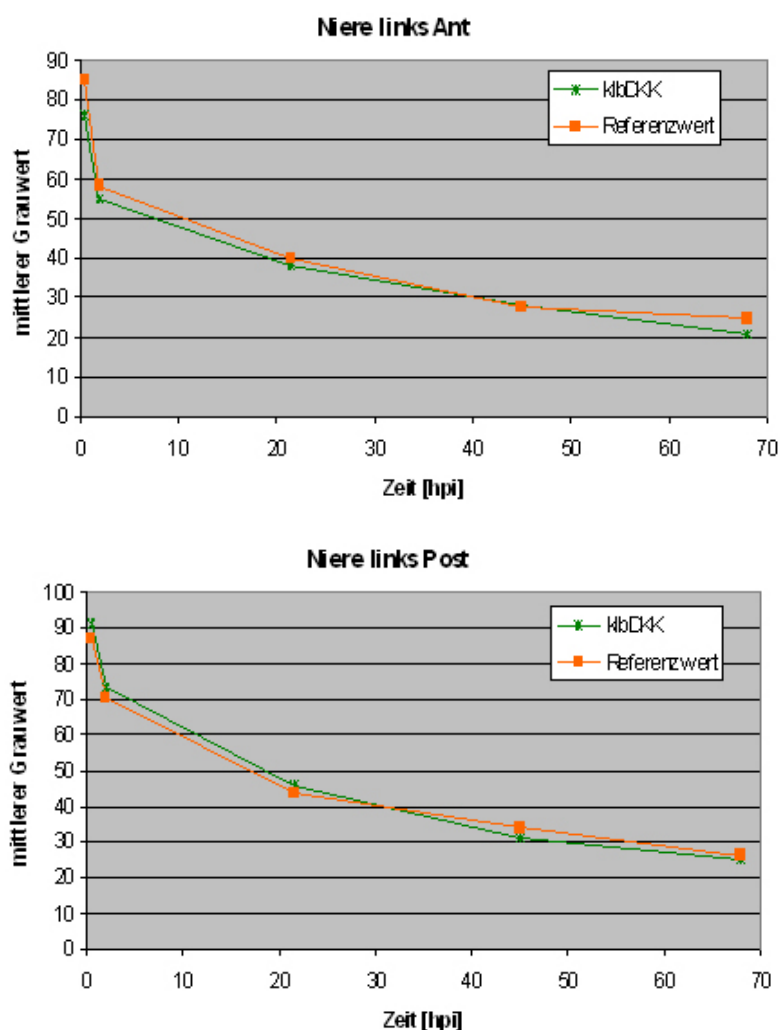
**Abb. A.24:** Szintigraphiebilder Patient 0002 posterior; von links nach rechts: 0,5 h, 2 h, 21,5 h, 45 h, 68 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert





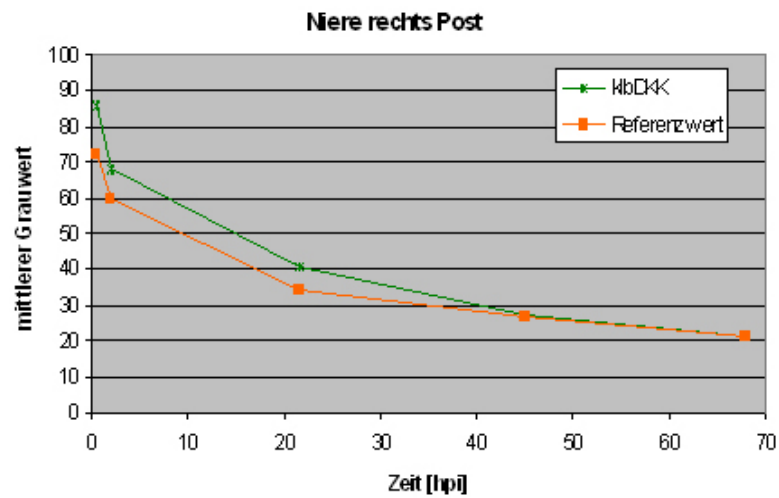
	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	58	75875	68.73	10.73	93	103659	93.89	0.89
	2	49	60737	55.02	6.02	82	94740	85.82	3.82
	21.5	34	45557	41.27	7.27	68	79775	72.26	4.26
	45	30	36696	33.24	3.24	45	53672	48.62	3.62
	68	13	23905	21.65	8.65	42	47325	42.87	0.87
Maskengröße [Px]		1148	1104						
StdAbw.					2.81				1.67
Korr. Koeff.			0.989100306				0.997228197		

**Abb. A.25:** Mittlere Grauwerte der Milz durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0002



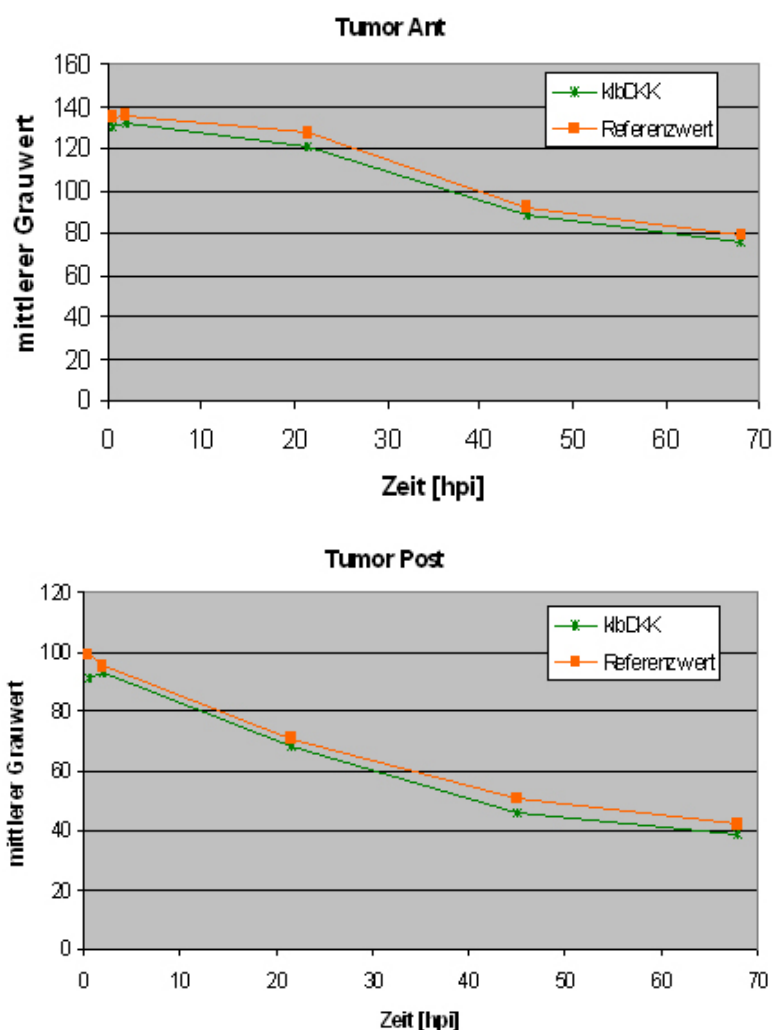
	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	76	81794	85.02	-9.02	91	83788	87.10	-3.90
	2	55	56029	58.24	-3.24	73	67893	70.57	-2.43
	21.5	38	38342	39.86	-1.86	46	42169	43.83	-2.17
	45	28	26706	27.76	0.24	31	32530	33.81	2.81
	68	21	23905	24.85	-3.85	25	25136	26.13	1.13
Maskengröße [Px]		847	962						
StdAbw.					3.44				2.78
Korr. Koeff.			0.996145356				0.998663554		

**Abb. A.26:** Mittlere Grauwerte der linken Niere durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0002



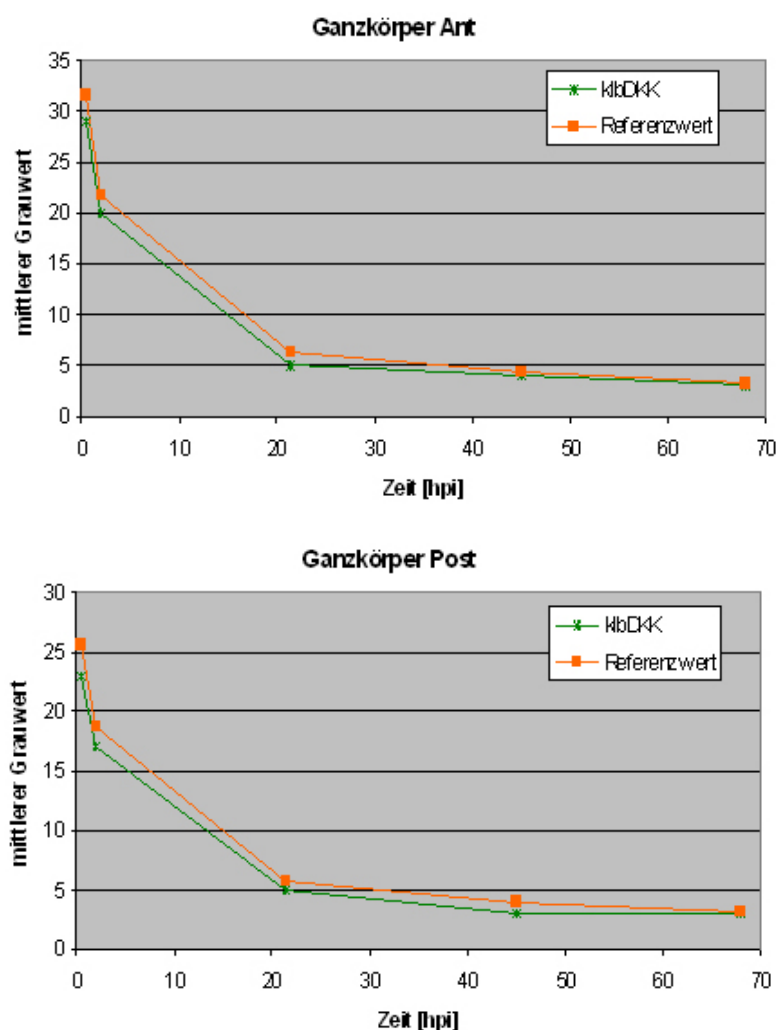
	Zeit [hpi]	Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	86	79506	72.02	-13.98
	2	68	66218	59.98	-8.02
	21.5	41	37816	34.25	-6.75
	45	27	29172	26.42	-0.58
	68	21	23292	21.10	0.10
Maskengröße [Px]		1035	1104		
StdAbw.					5.81
Korr. Koeff.			0.997376848		

**Abb. A.27:** Mittlere Grauwerte der rechten Niere durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; posterior; 0002



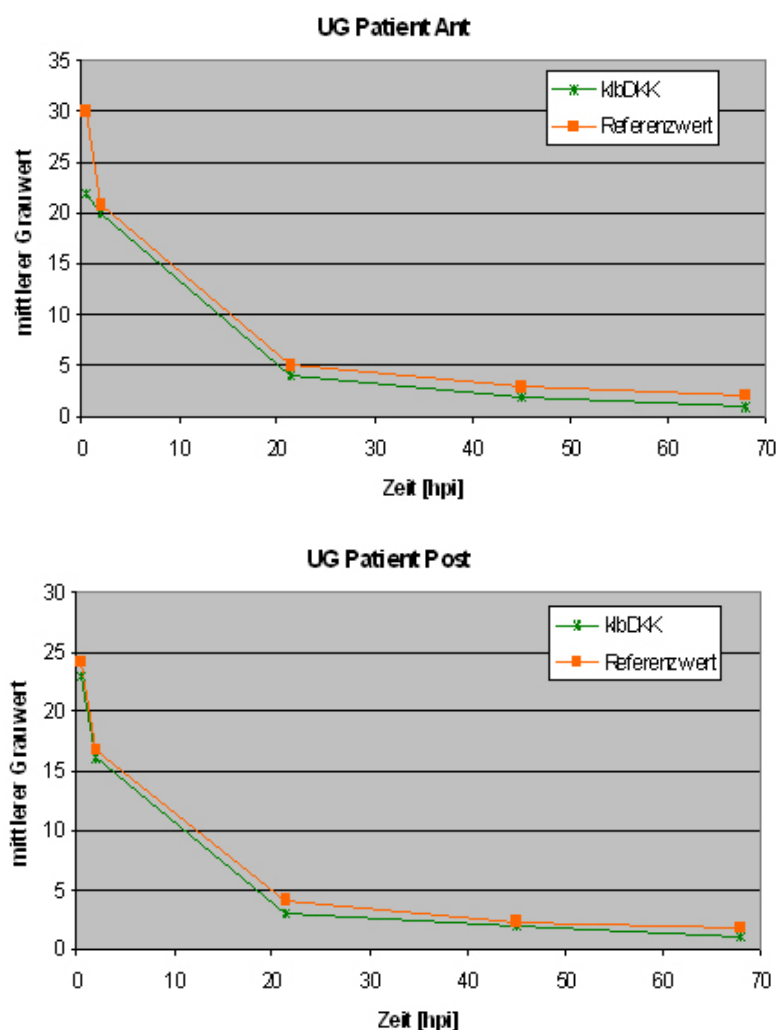
	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	130	30901	134.94	-4.94	91	22684	99.06	8.06
	2	132	31052	135.60	-3.60	93	21788	95.14	2.14
	21.5	121	29238	127.68	-6.68	68	16201	70.75	2.75
	45	88	20989	91.66	-3.66	46	11606	50.68	4.68
	68	75	18189	79.43	-4.43	39	9579	41.83	2.83
Maskengröße [Px]		266	229						
StdAbw.					1.26				2.41
Korr. Koeff.			0.99894178				0.99590873		

**Abb. A.28:** Mittlere Grauwerte des Tumors durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0002



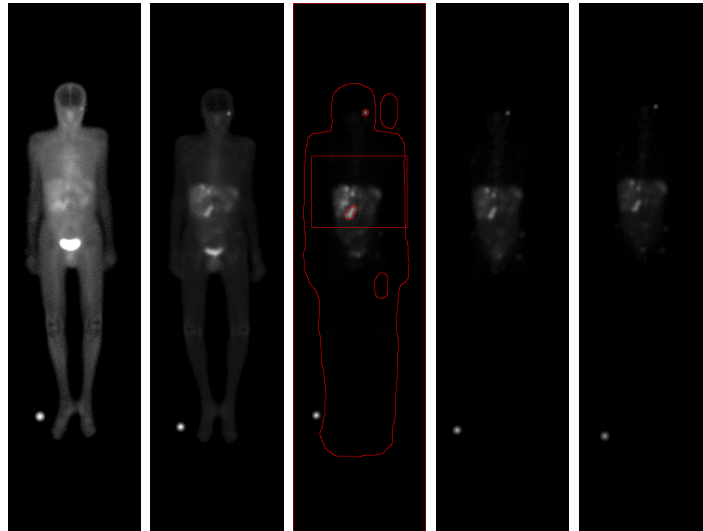
	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	29	3753512	31.48	2.48	23	3055013	25.62	2.62
	2	20	2599633	21.80	1.80	17	2225196	18.66	1.66
	21.5	5	761939	6.39	1.39	5	683373	5.73	0.73
	45	4	525644	4.41	0.41	3	466441	3.91	0.91
	68	3	397207	3.33	0.33	3	362757	3.04	0.04
Maskengröße [Px]		128947	119232						
StdAbw.					0.92				0.98
Korr. Koeff.			0.999556405				0.999457527		

**Abb. A.29:** Mittlere Grauwerte des gesamten Körpers durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0002

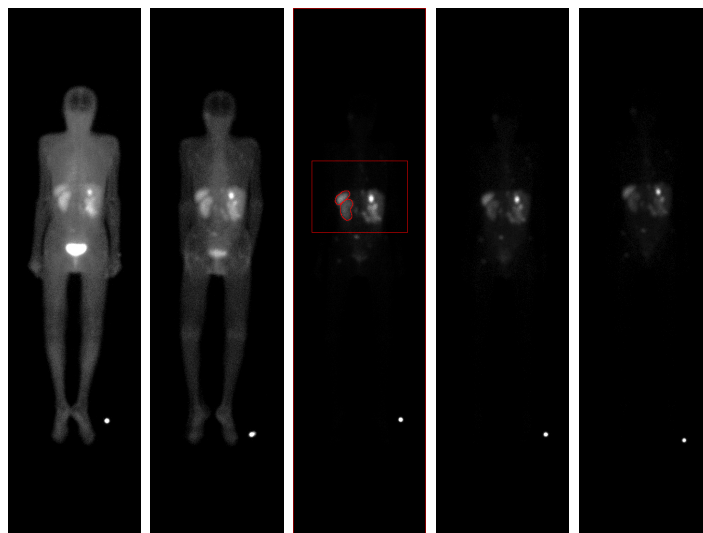


	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	22	69825	29.95	7.95	23	56071	24.05	1.05
	2	20	48406	20.77	0.77	16	38929	16.70	0.70
	21.5	4	11548	4.95	0.95	3	9445	4.05	1.05
	45	2	6766	2.90	0.90	2	5443	2.34	0.34
	68	1	5125	2.20	1.20	1	4072	1.75	0.75
Maskengröße [Px]		1731	2331						
StdAbw.					3.13				0.30
Korr. Koeff.			0.981047359				0.999641027		

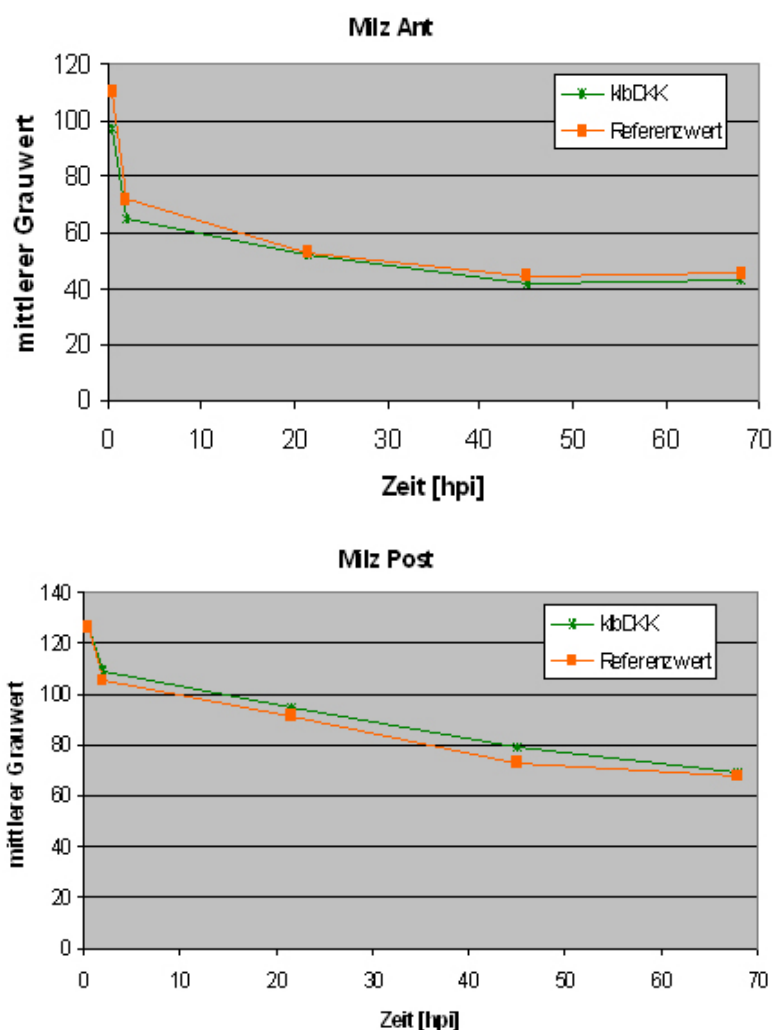
**Abb. A.30:** Mittlere Grauwerte des Patientenoberschenkels durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0002

**Patient 0003**

**Abb. A.31:** Szintigraphiebilder Patient 0003 anterior; von links nach rechts: 0,5 h, 2 h, 21,5 h, 45 h, 68 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert



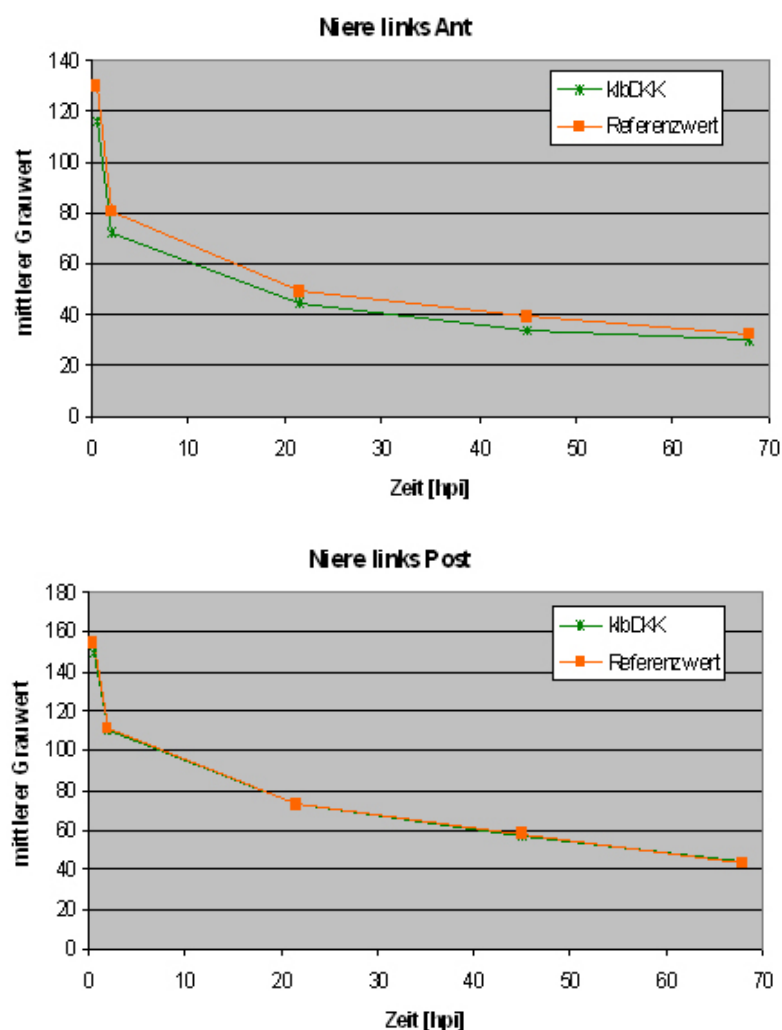
**Abb. A.32:** Szintigraphiebilder Patient 0003 posterior; von links nach rechts: 0,5 h, 2 h, 21,5 h, 45 h, 68 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert



	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	97	60679	110.13	13.13	126	69310	125.79	-0.21
	2	65	39624	71.91	6.91	109	57908	105.10	-3.90
	21.5	52	29359	53.28	1.28	95	50604	91.84	-3.16
	45	42	24772	44.96	2.96	79	40106	72.79	-6.21
	68	43	24867	45.13	2.13	69	37200	67.51	-1.49
Maskengröße [Px]		511	551						
StdAbw.					4.89				2.30
Korr. Koeff.			0.998679132				0.996110505		

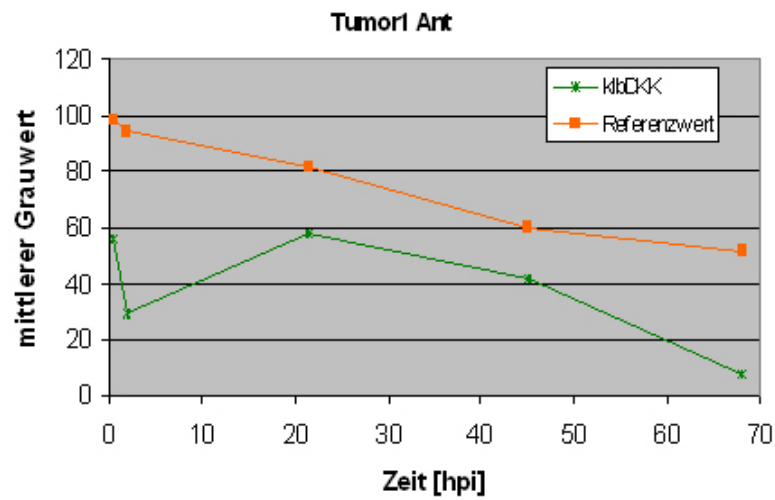
**Abb. A.33:** Mittlere Grauwerte der Milz durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0003





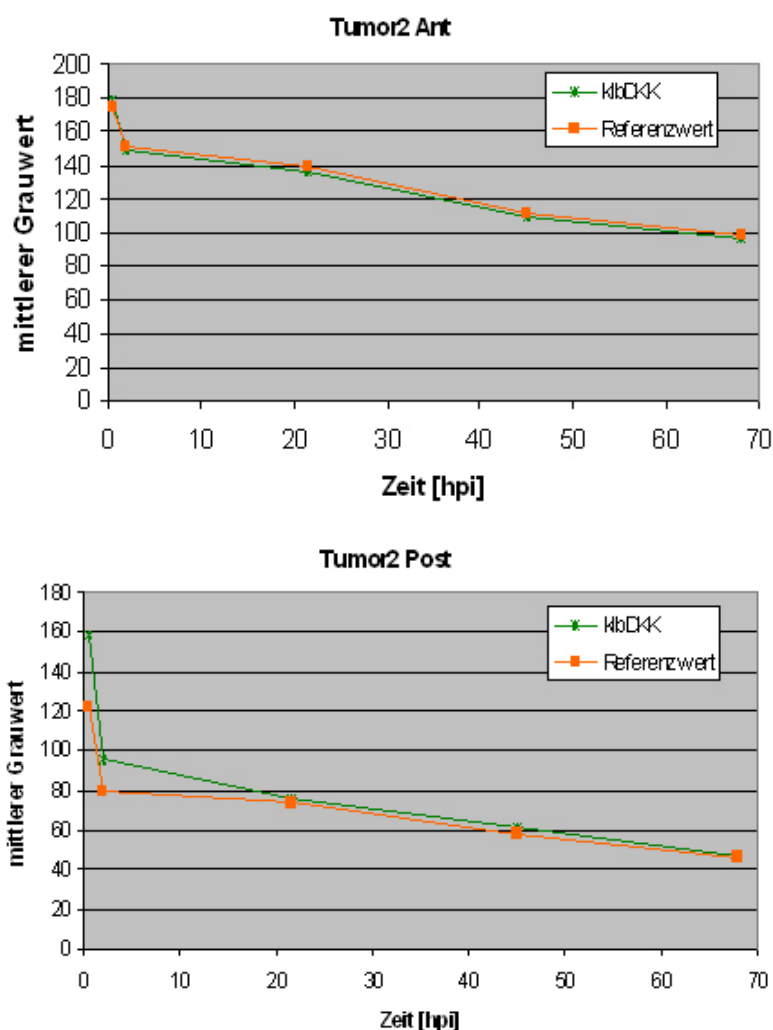
	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	116	99113	129.73	-13.73	150	117722	154.09	4.09
	2	72	61898	81.02	-9.02	110	84564	110.69	0.69
	21.5	45	37361	48.90	-3.90	73	55443	72.57	-0.43
	45	34	30091	39.39	-5.39	57	44158	57.80	0.80
	68	30	24901	32.59	-2.59	44	33001	43.20	-0.80
Maskengröße [Px]		803	764						
StdAbw.					4.50				1.93
Korr. Koeff.			0.999616413				0.999780963		

**Abb. A.34:** Mittlere Grauwerte der linken Niere durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0003



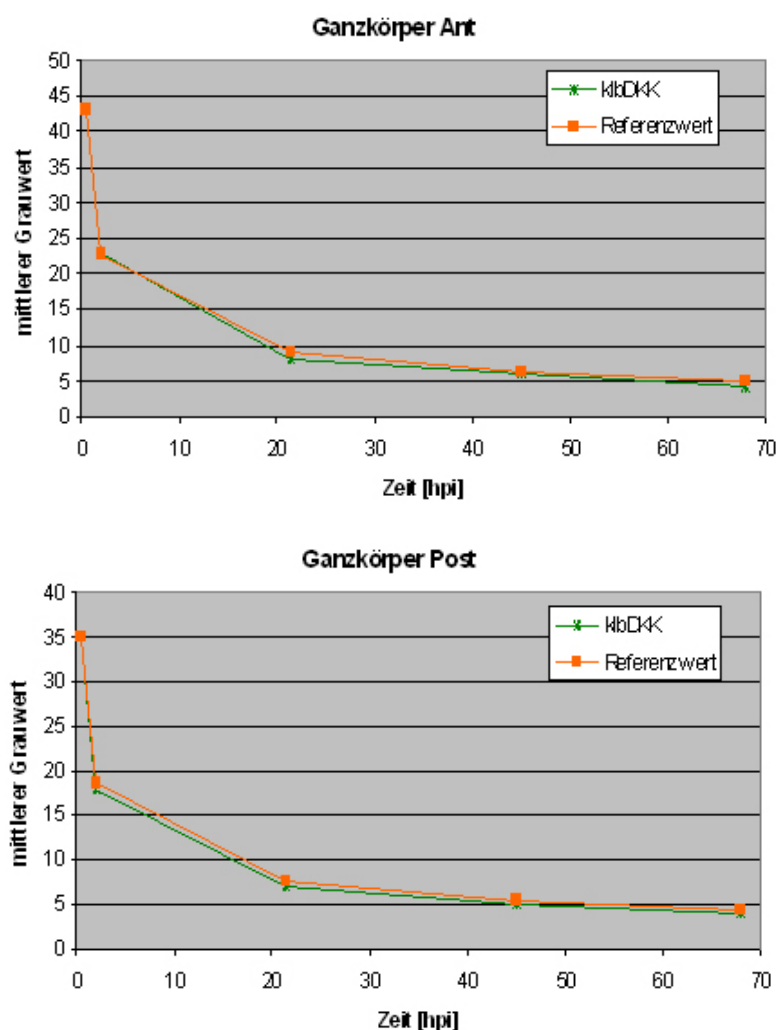
	Zeit [hpi]	Ant			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	56	8853	98.37	-42.37
	2	29	8471	94.12	-65.12
	21.5	58	7343	81.59	-23.59
	45	42	5376	59.73	-17.73
	68	8	4667	51.86	-43.86
Maskengröße [Px]		145	90		
StdAbw.					18.75
Korr. Koeff.			0.588937768		

**Abb. A.35:** Mittlere Grauwerte des Tumors 1 durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior; 0003



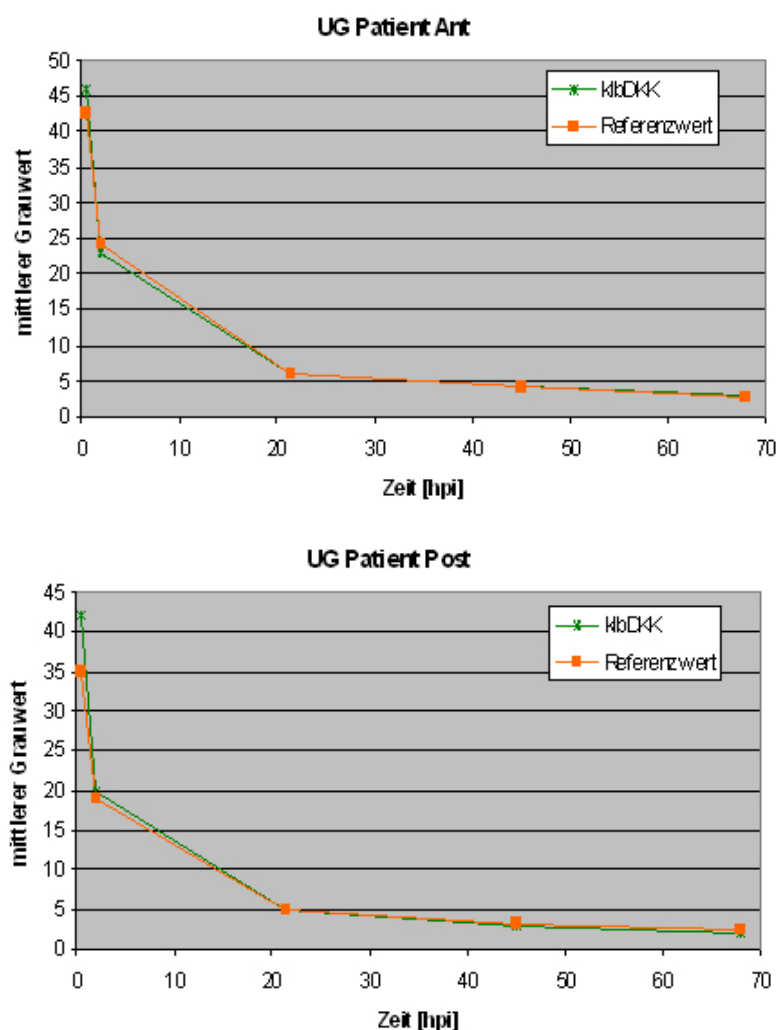
	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	179	60964	174.18	-4.82	158	42629	121.80	-36.20
	2	149	52747	150.71	1.71	95	27861	79.60	-15.40
	21.5	136	48912	139.75	3.75	76	25821	73.77	-2.23
	45	109	39051	111.57	2.57	61	20233	57.81	-3.19
	68	96	34700	99.14	3.14	47	16143	46.12	-0.88
Maskengröße [Px]		377	350						
StdAbw.					3.49				14.94
Korr. Koeff.			0.9975826				0.993781805		

**Abb. A.36:** Mittlere Grauwerte des Tumors 2 durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0003



	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	43	4801685	43.20	0.20	35	3895307	35.04	0.04
	2	23	2546623	22.91	-0.09	18	2069967	18.62	0.62
	21.5	8	998575	8.98	0.98	7	849480	7.64	0.64
	45	6	714542	6.43	0.43	5	616500	5.55	0.55
	68	4	555555	5.00	1.00	4	484373	4.36	0.36
Maskengröße [Px]		112096	111162						
StdAbw.					0.48				0.25
Korr. Koeff.			0.999758925				0.999904593		

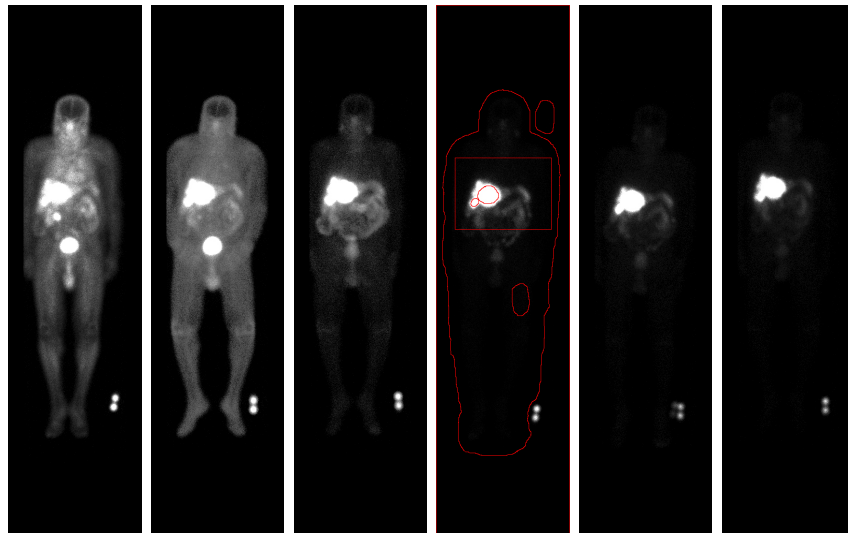
**Abb. A.37:** Mittlere Grauwerte des gesamten Körpers durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0003



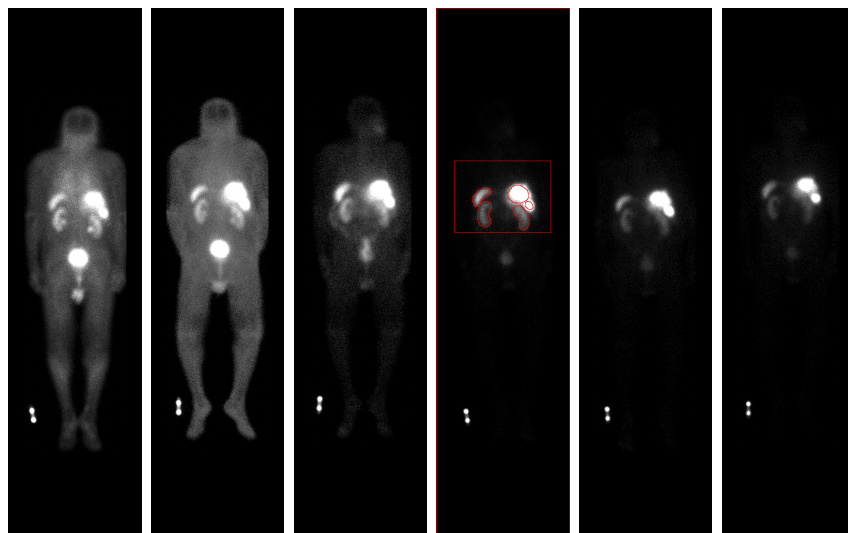
	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	46	115619	42.52	-3.48	42	94771	34.86	-7.14
	2	23	65957	24.26	1.26	20	51398	18.90	-1.10
	21.5	6	16436	6.04	0.04	5	13513	4.97	-0.03
	45	4	10946	4.03	0.03	3	8485	3.12	0.12
	68	3	7699	2.83	-0.17	2	6533	2.40	0.40
Maskengröße [Px]		1113	2719						
StdAbw.					1.78				3.18
Korr. Koeff.			0.997362555				0.998230875		

**Abb. A.38:** Mittlere Grauwerte des Patientenoberschenkels durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0003

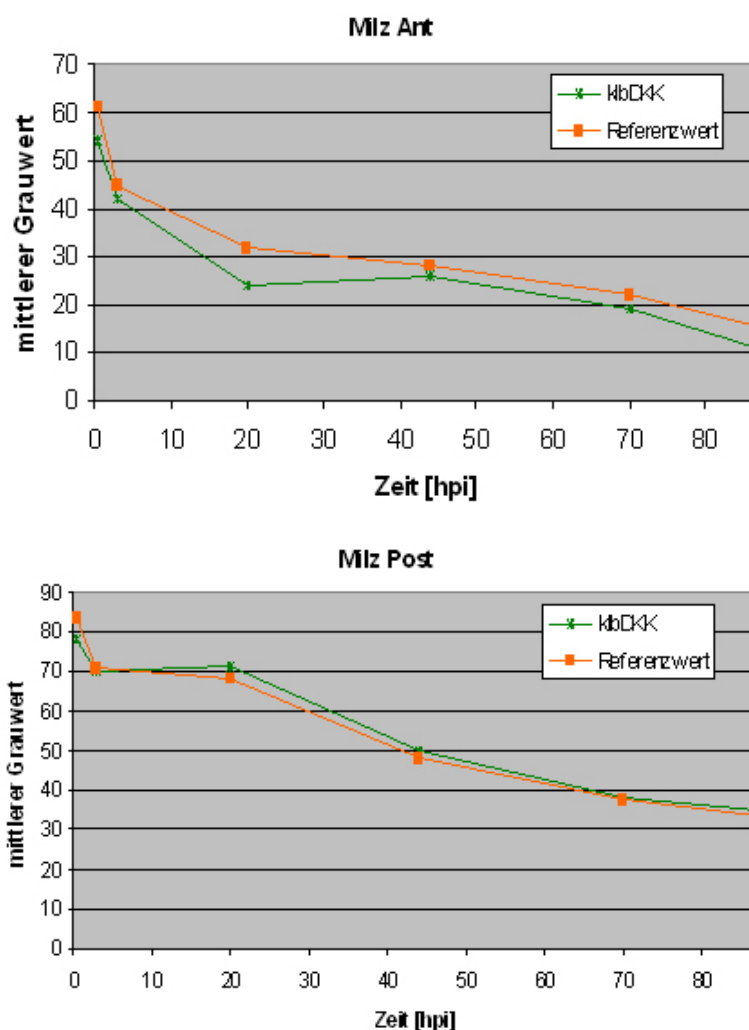
## Patient 0004



**Abb. A.39:** Szintigraphiebilder Patient 0004 anterior; von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert

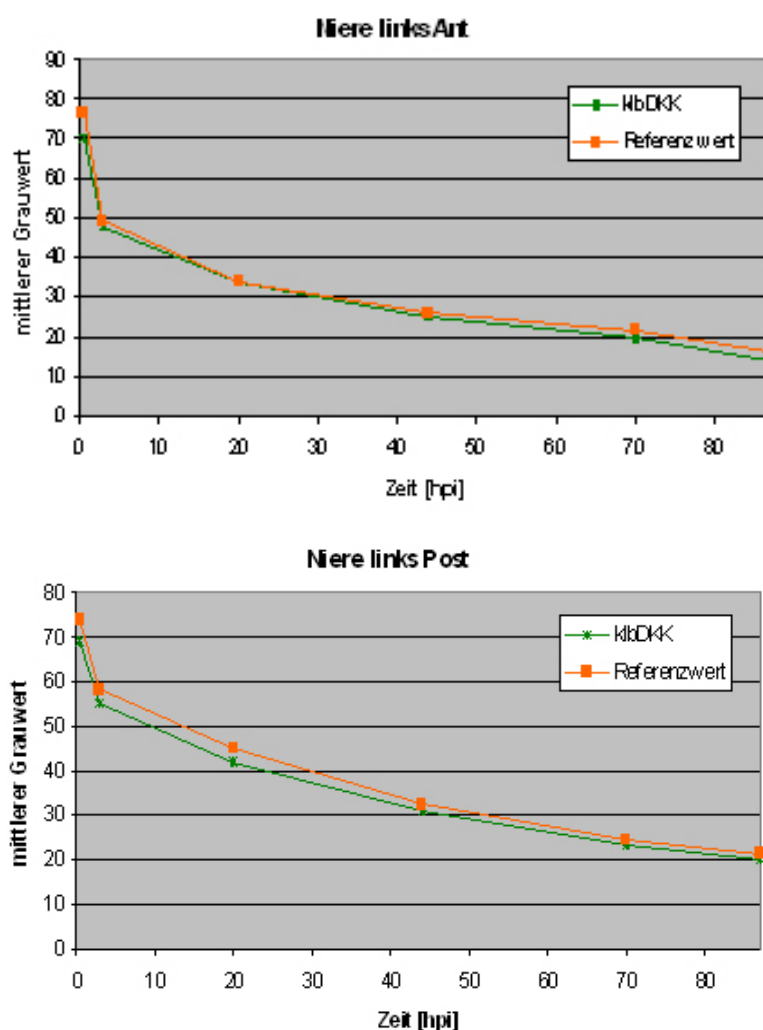


**Abb. A.40:** Szintigraphiebilder Patient 0004 posterior; von links nach rechts: 0,5 h, 3 h, 20 h, 44 h, 70 h, 87 h nach der Tracerinjektion; im mittleren Bild sind die ROIs sowie der Templateausschnitt markiert



	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	54	54544	60.94	6.94	78	75013	83.81	5.81
	3	42	39988	44.68	2.68	70	63209	70.62	0.62
	20	24	28299	31.62	7.62	71	61245	68.43	-2.57
	44	26	25145	28.09	2.09	50	42812	47.83	-2.17
	70	19	19678	21.99	2.99	38	33793	37.76	-0.24
	87	11	13733	15.34	4.34	35	30101	33.63	-1.37
Maskengröße [Px]		825	895						
StdAbw.					2.33				3.08
Korr.Koeff.			0.990733363				0.991317001		

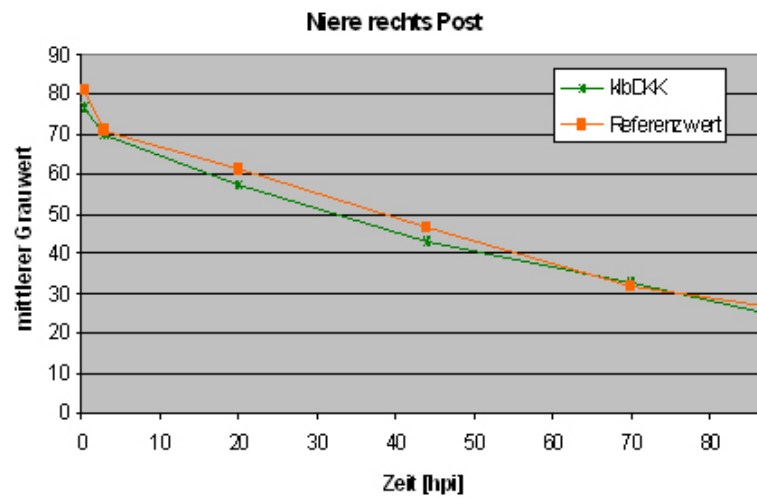
**Abb. A.41:** Mittlere Grauwerte der Milz durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004



	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl.GW	Ref.Wert	Ref.Wert WB angepasst	Differenz	mittl.GW	Ref.Wert	Ref.Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	70	81185	76.59	6.59	69	78248	73.82	4.82
	3	48	52612	49.63	-1.63	55	61656	58.17	3.17
	20	34	36201	34.15	-0.15	42	47675	44.98	2.98
	44	25	27839	26.26	-1.26	31	34103	32.17	1.17
	70	20	22941	21.64	-1.64	23	26031	24.56	1.56
	87	14	17436	16.45	-2.45	20	22553	21.28	1.28
Maskengröße [Px]		1126	1060						
StdAbw.					3.36				1.43
Korr.Koeff.			0.997398082				0.999781936		

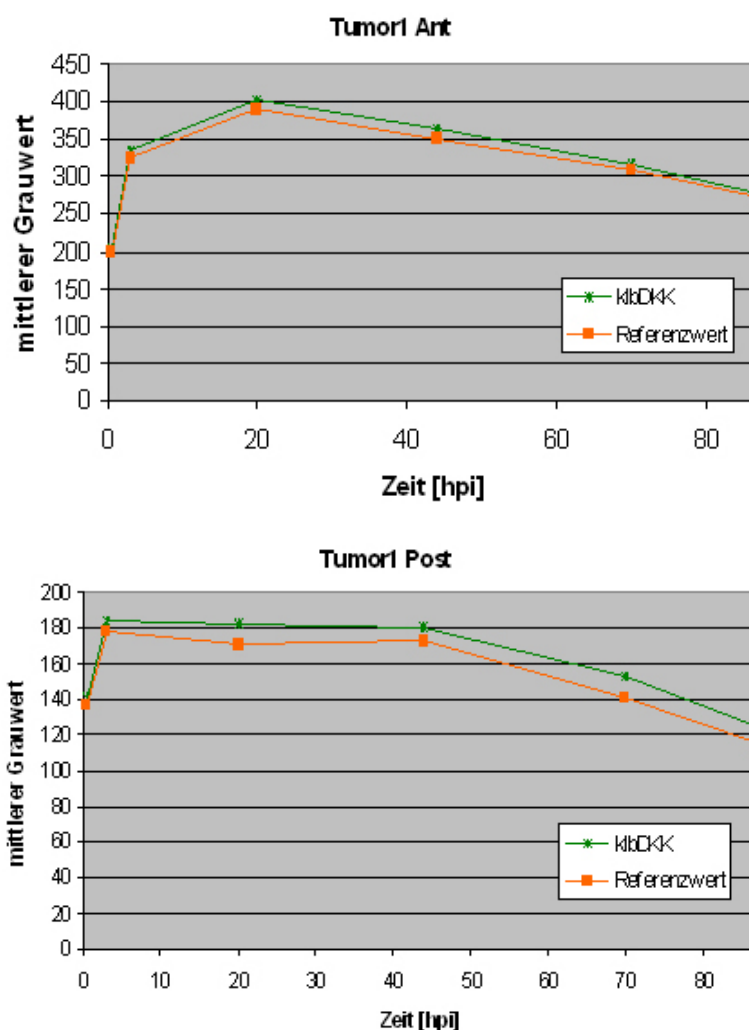
**Abb. A.42:** Mittlere Grauwerte der linken Niere durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004





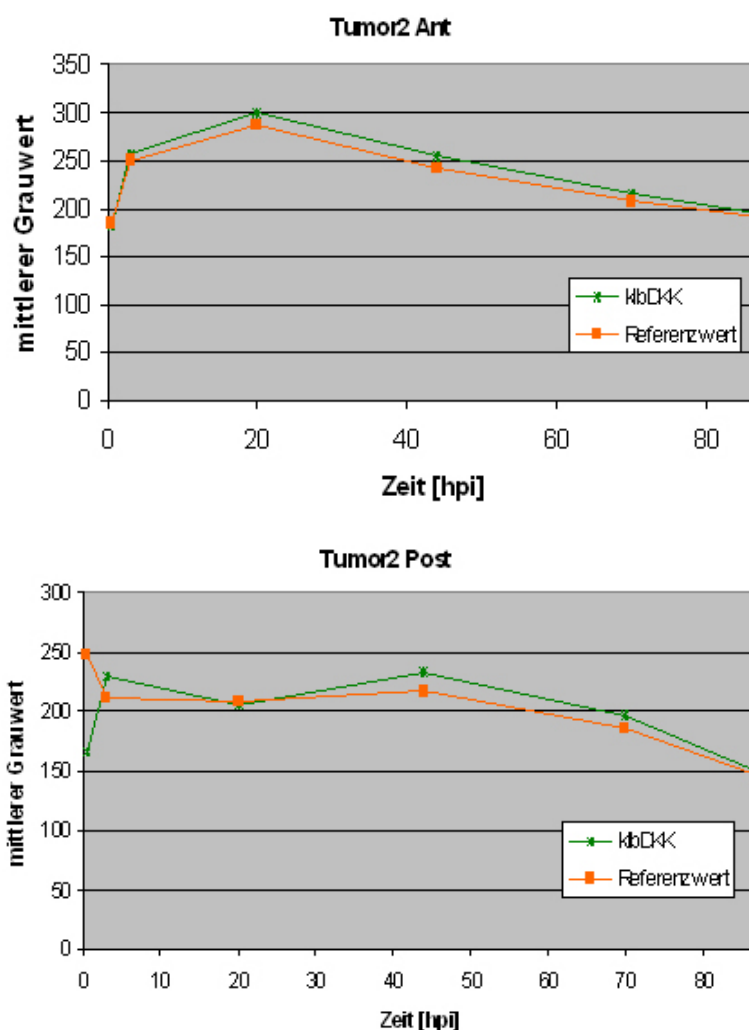
	Zeit [hpi]	Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	77	67849	80.97	3.97
	3	70	59312	70.78	0.78
	20	57	51053	60.92	3.92
	44	43	39096	46.65	3.65
	70	33	26608	31.75	-1.25
	87	25	22678	27.06	2.06
Maskengröße [Px]		879	838		
StdAbw.					2.10
Korr. Koeff.			0.995930959		

**Abb. A.43:** Mittlere Grauwerte der rechten Niere durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; posterior; 0004



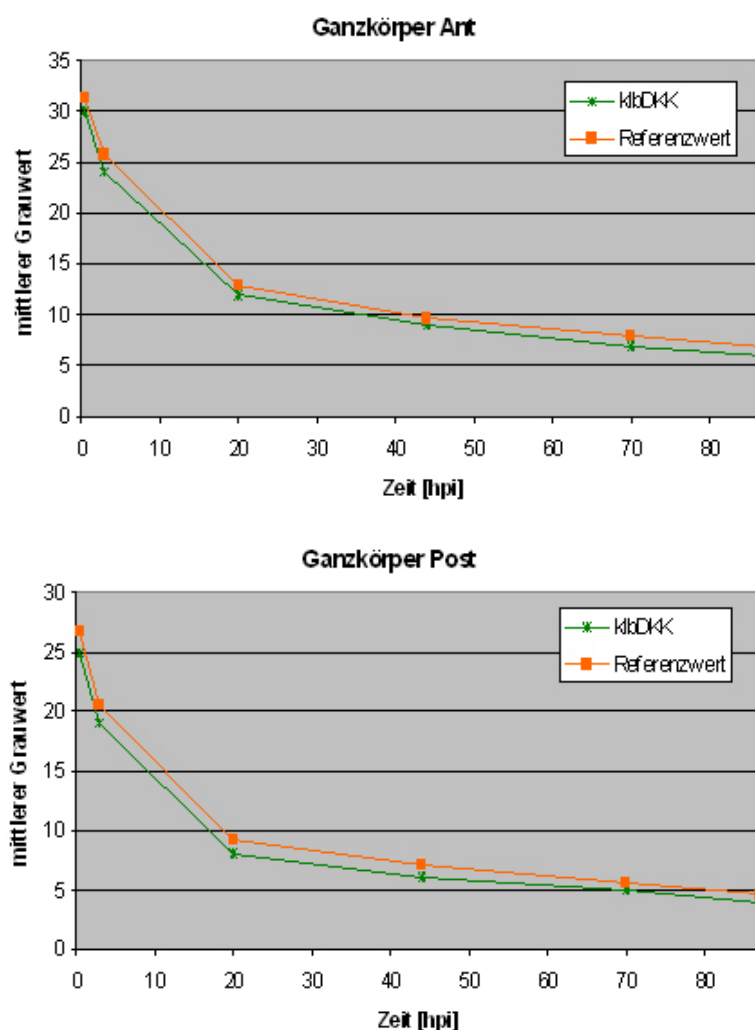
		Ant				Post			
	Zeit [hpi]	mittl.GW	Ref.Wert	Ref.Wert WB angepasst	Differenz	mittl.GW	Ref.Wert	Ref.Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	205	237815	199.34	-5.66	141	163174	136.78	-4.22
	3	334	387152	324.52	9.48	184	212145	177.82	-6.18
	20	402	464251	389.15	12.85	183	202893	170.07	-12.93
	44	364	419138	351.33	12.67	180	206266	172.90	-7.10
	70	317	369312	309.57	7.43	153	168283	141.06	-11.94
	87	277	324642	272.12	4.88	125	137680	115.41	-9.59
Maskengröße [Px]		1132	1193						
StdAbw.					6.89				3.41
Korr.Koeff.		0.999700797				0.990703927			

**Abb. A.44:** Mittlere Grauwerte des Tumors 1 durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004



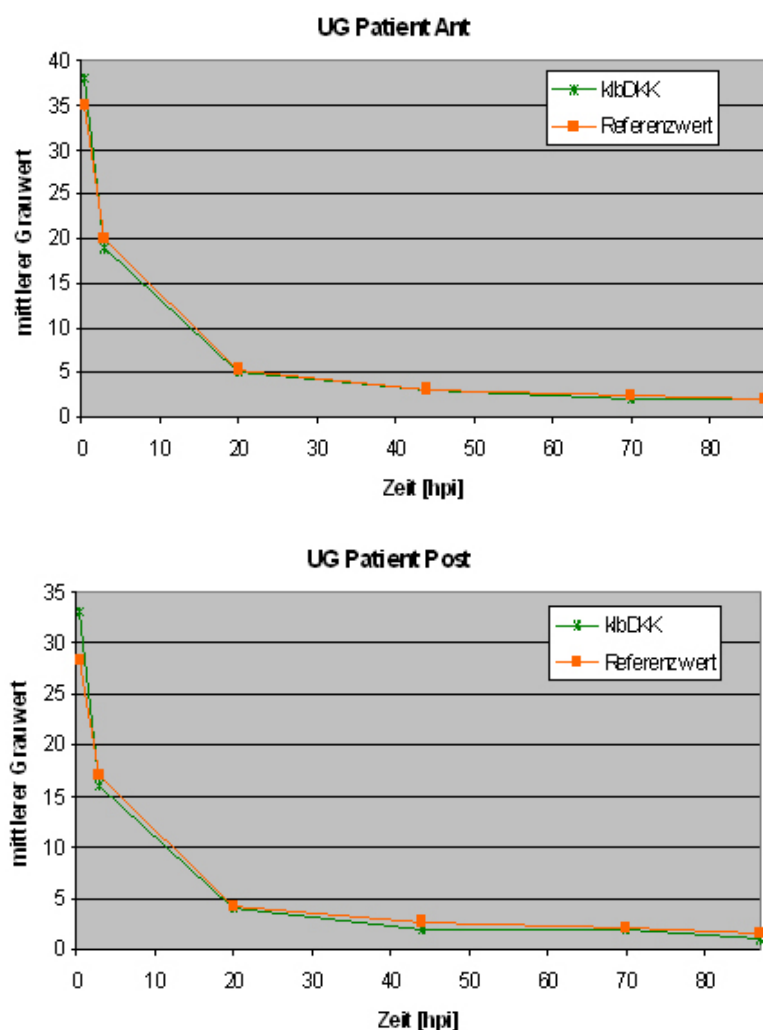
	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	184	50532	184.42	0.42	165	67849	247.62	82.62
	3	256	68431	249.75	6.25	230	57821	211.03	-18.97
	20	299	78544	286.66	12.34	205	56836	207.43	2.43
	44	254	66623	243.15	10.85	232	59223	216.14	-15.86
	70	215	56882	207.60	7.40	196	50681	184.97	-11.03
	87	195	52225	190.60	4.40	149	39930	145.73	-3.27
Maskengröße [Px]		230	274						
StdAbw.					4.34				38.37
Korr. Koeff.		0.998374814				0.362758552			

**Abb. A.45:** Mittlere Grauwerte des Tumors 2 durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004



	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	30	3704716	31.26	1.26	25	3167079	26.72	1.72
	3	24	3046429	25.70	1.70	19	2419642	20.42	1.42
	20	12	1516808	12.80	0.80	8	1090835	9.20	1.20
	44	9	1137957	9.60	0.60	6	830630	7.01	1.01
	70	7	939032	7.92	0.92	5	660825	5.58	0.58
	87	6	821413	6.93	0.93	4	550303	4.64	0.64
Maskengröße [Px]		122023	118519						
StdAbw.					0.39				0.44
Korr. Koeff.			0.99967678				0.999807955		

**Abb. A.46:** Mittlere Grauwerte des gesamten Körpers durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004



	Zeit [hpi]	Ant				Post			
		mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz	mittl. GW	Ref. Wert	Ref. Wert WB angepasst	Differenz
	0.5	38	103570	34.95	-3.05	33	83651	28.23	-4.77
	3	19	58969	19.90	0.90	16	50400	17.01	1.01
	20	5	15943	5.38	0.38	4	12745	4.30	0.30
	44	3	9268	3.13	0.13	2	7854	2.65	0.65
	70	2	7314	2.47	0.47	2	6011	2.03	0.03
	87	2	5672	1.91	-0.09	1	4613	1.56	0.56
Maskengröße [Px]		1768	2963						
StdAbw.					1.43				2.18
Korr. Koeff.			0.997797904				0.994183235		

**Abb. A.47:** Mittlere Grauwerte des Patientenoberschenkels durch automatische Maskenplatzierung und manuell ermittelte Referenzwerte; anterior und posterior; 0004

## A.9 Implementierte Filter

Die folgende Tabelle fasst die im Zuge dieser Arbeit implementierten Filter zusammen. All diese Filterklassen wurden in dem UML Modellier- und Dokumentationstool OTW (Objekt Technologie Werkbank) integriert und sind dort dokumentiert (Anlage CD/OTW).

Filtername	Filterfunktion	Eingänge	Ausgänge
Paket: Atisa/VCL/VCLAlgorithms			
ReadDicomDir-Filter	Liest DicomFiles aus und liefert Bilddaten eines oder mehrerer Bilder einer Bildserie zur Anzeige und Weiterverarbeitung	Binärdatei	AtisaVektor-Matrix< <i>int</i> >
ReadBinaerPic-Filter	List eine Binärdatei aus	Binärdatei	AtisaVektor-Matrix< <i>int</i> >
Paket: Atisa/Konverter			
HorizToVertSlices-Filter	Wandelt horizontale in vertikale Slices (Querschnitte) einer Bildserie um	AtisaVektor-Matrix< <i>T</i> >	AtisaVektor-Matrix< <i>T</i> >
HorizToRotated-VertSlicesFilter	Wandelt horizontale in um 90° vertikal rotierte Slices (Querschnitte) einer Bildserie um	AtisaVektor-Matrix< <i>T</i> >	AtisaVektor-Matrix< <i>T</i> >
AtisaVektorNDim-ToAtisaVektor-MatrixFilter	Zerlegt einen 3D Bilddatensatz in einzelne 2D Bilder und gibt diese nacheinander an den Ausgang	AtisaVektor-NDim< <i>T</i> >	AtisaVektor-Matrix< <i>T</i> >
AtisaVektorMatrix-ToAtisaVektor-NDimFilter	Fügt einzelne 2D Bilder zu einem 3D Bilddatensatz zusammen und gibt diesen an den Ausgang	AtisaVektor-Matrix< <i>T</i> >	AtisaVektor-NDim< <i>T</i> >
SingleAVMatrix-OutOfAVNDim-Filter	Extrahiert ein einzelnes Slices aus einem 3D Bilddatensatz	AtisaVektor-Matrix< <i>T</i> >	AtisaVektor-NDim< <i>T</i> >

Filtername	Filterfunktion	Eingänge	Ausgänge
KoeffToImgKoords-Filter	Konvertiert die Koordinaten eines Koeffizientenbildes in die des dem Matchvorgang zugrunde liegenden Bildes (bei Überlappung bis zum letzten Randpixel)	AtisaInteger	AtisaInteger
Paket: Atisa/Imageprocessing/Imagebasealgorithms			
GetMaxOfAtisa-VektorNDimFilter	Liefert Position und Betrag des maximalen Wertes vom eingehenden 3D Datensatz	AtisaVektor-NDim< int >	AtisaInteger
GetMinOfAtisa-VektorNDimFilter	Liefert Position und Betrag des minimalen Wertes vom eingehenden 3D Datensatz	AtisaVektor-NDim< int >	AtisaInteger
GetMaxOfAVM-Filter	Liefert Position und Betrag des maximalen Wertes vom eingehenden 2D Bild	AtisaVektor-Matrix< T >	Atisa< M >
GetMinOfAVM-Filter	Liefert Position und Betrag des minimalen Wertes vom eingehenden 2D Bild	AtisaVektor-Matrix< T >	Atisa< M >
WriteAtisaInCSV-FileFilter	Öffnet ein CSV-File und fügt AtisaFormat-Einträge an, nach jedem Wert wird ein ';' angehängt	Atisa< M >	CSV-File
WriteAVMInCSV-FileFilter	Öffnet ein CSV-File und fügt AtisaVektorMatrix-Einträge an, nach jedem Wert wird ein ';' angehängt	AtisaVektor-Matrix< T >	CSV-File
AddBlackBorder-Filter	Fügt links, rechts, oben und unten einen schwarzen Rand an das Eingangsbild an	AtisaVektor-Matrix< T >	AtisaVektor-Matrix< T >
MittlererGrauwert-Filter	Berechnet den mittleren Grauwert einer AtisaVektor-Matrix und gibt diesen im entsprechenden AtisaFormat aus	AtisaVektor-Matrix< T >	Atisa< M >

Filtername	Filterfunktion	Eingänge	Ausgänge
MultiplyMaskFilter	Verknüpft eine AtisaVektor-Matrix mit einer Maske und gibt eine AtisaVektorMatrix der Größe der Maske zurück (0: binäre Maskenoperation, 1: tatsächliche Multiplikation)	AtisaVektor-Matrix< $T$ >	AtisaVektor-Matrix< $T$ >

**Tabelle 40:** Implementierte Filter (Atisa)

Die Filter wurden zum Teil als Templateklassen implementiert (vgl. [LIBERTY 2000]). Die Verwendung von Templates (hier Platzhalter) ermöglicht eine vom Datentyp unabhängige Programmierung. Das Template  $< T >$  in obiger Tabelle steht hierbei für die Datentypen Unsigned Character, Integer und Float; das Template  $< M >$  schließt die Typen AtisaInteger, AtisaDouble und AtisaString ein. Nähere Informationen über die Testsoftware Atisa und entsprechende Datenformate können in [MASCHOTTA et al. 2002] nachgelesen werden.



## Thesen

1. Kantenlistenbasierte Kreuzkorrelationsverfahren können zum automatischen Vergleich stark verrauschter nuklearmedizinischer Bilder eingesetzt werden. Die Wahl geeigneter Parameter zur Kantenextraktion und die Glättung der Bilder sind Voraussetzung dafür.
2. Die mit Hilfe des regelbasierten Gradientenalgorithmus extrahierten Kantenpunkte charakterisieren nuklearmedizinische Bilder eindeutig. Eine gegenüber der ursprünglichen Bildinformation sehr geringe Kantenpunktanzahl ist ausreichend.
3. Beim Einsatz kantenlistenbasierter Kreuzkorrelationsverfahren zum Vergleich nuklearmedizinischer Bilder kommt es zur Ausprägung eines (oder mehrerer lokaler) Koeffizientenpeaks und damit zu einem höheren PSNR als bei Anwendung der pixelbasierten Algorithmen.
4. Die Beschränkung des zu vergleichenden Bildausschnitts auf charakteristische Bildregionen mit großem Informationsgehalt bewirkt eine Zeitersparnis beim Matchvorgang und kann zu genaueren Vergleichsergebnissen führen.
5. Die kantenlistenbasierte Differenz-Korrelation arbeitet sehr schnell und genau und eignet sich demzufolge besonders gut für den Vergleich nuklearmedizinischer Bilder in der Praxis.
6. Die Suche korrespondierender Querschnittsbilder in PET-Bildserien ist mit Hilfe der kantenlistenbasierten Differenz-Korrelation automatisierbar. Nähere Untersuchungen zu dieser Thematik sind erforderlich.
7. Die Platzierung von ROI-Masken in Szintigraphiebildern als zeitaufwendigster Arbeitsschritt der Dosimetrie ist mit Hilfe der kantenlistenbasierten Differenz-Korrelation automatisierbar. Nähere Untersuchungen zu dieser Thematik sind erforderlich.